

1 / 95

GTCGACCCACGGTCCGGCCACGGTCCGGCCC	ATG	GCG	CCG	CCC	GCC	GCC	GCC	CTC	CTC	GCC	CTG	CTC	11
	M	A	P	P	A	A	R	L	A	L	L		66
S	A	A	A	L	T	L	A	A	R	P	A	P	31
TCC	GCC	GCG	GCG	CTC	ACG	CTG	GCG	GCC	CGG	CCT	AGC	CCC	126
	P	E	C	F	T	A	N	G	A	D	Y	R	51
CCC	GAG	TGT	TTC	ACA	GCC	AAT	GGT	GCG	GAT	TAT	AGG	GGA	186
	Q	G	G	K	P	C	L	F	W	N	E	T	71
CAA	GGC	GGG	AAG	CCA	TGT	CTG	TTT	TGG	AAC	GAG	ACT	TTC	246
	K	Y	P	N	G	E	G	L	G	E	H	N	91
AAA	TAC	CCC	AAC	GGG	GAG	GGG	GCG	CTG	GGT	GAG	CAC	AAC	306
	D	V	S	P	W	C	Y	V	A	E	H	E	111
GAC	GTG	AGC	CCC	TGG	TGC	TAT	GTG	GCA	GAG	CAC	GAG	GAT	366
	E	I	P	A	C	Q	M	P	G	N	L	G	131
GAG	ATA	CCT	GCT	TGC	TGC	CAG	ATG	CCT	GGA	AAC	CTT	GGC	426
	P	P	L	T	G	T	S	K	T	S	N	K	151
CCT	CCT	CTA	ACT	GGC	ACC	AGT	AAA	ACG	TCC	AAC	AAA	CTC	486
	F	C	R	S	Q	R	F	K	F	A	G	M	171
TTT	TGT	CGG	AGT	CAG	AGG	TTC	AAG	TTT	GCT	GGG	ATG	GAG	546

Fig. 1A

2 / 95

G	N	N	P	D	Y	W	K	Y	G	E	A	A	S	T	E	C	N	S	V	191
GGA	AAC	AAT	CCT	GAT	TAC	TGG	AAG	TAC	GGG	GAG	GCA	GCC	AGT	ACC	GAA	TGC	AAC	AGC	GTC	606
C	F	G	D	H	T	Q	P	C	G	G	D	G	R	I	I	L	F	D	T	211
TGC	TTC	GGG	GAT	CAC	ACC	CAA	CCC	TGT	GGT	GGC	GAT	GGC	AGG	ATC	ATC	CTC	TTT	GAT	ACT	666
L	V	G	A	C	G	G	N	Y	S	A	M	S	S	V	V	Y	S	P	D	231
CTC	GTG	GGC	GCC	TGC	GGT	GGG	AAC	TAC	TCA	GCC	ATG	TCT	TCT	GTG	GTC	TAT	TCC	CCT	GAC	726
F	P	D	T	Y	A	T	G	R	V	C	Y	W	T	I	R	V	P	G	A	251
TTC	CCC	GAC	ACC	TAT	GCC	ACG	GGG	AGG	GTC	TGC	TAC	TGG	ACC	ATC	CGG	GTT	CCG	GGG	GCC	786
S	H	I	H	F	S	F	P	L	F	D	I	R	D	S	A	D	M	V	E	271
TCC	CAC	ATC	CAC	TTC	AGC	TTC	CCC	CTA	TTT	GAC	ATC	AGG	GAC	TCG	GCG	GAC	ATG	GTG	GAG	846
L	L	D	G	Y	T	H	R	V	L	A	R	F	H	G	R	S	R	P	P	291
CTT	CTG	GAT	GGC	TAC	ACC	CAC	CGT	GTC	CTA	GCC	CGC	TTC	CAC	GGG	AGG	AGC	CGC	CCA	CCT	906
L	S	F	N	V	S	L	D	F	V	I	L	Y	F	F	S	D	R	I	N	311
CTG	TCC	TTC	AAC	GTC	TCT	CTG	GAC	TTC	GTC	ATC	TTG	TAT	TTC	TTC	TCT	GAT	CGC	ATC	AAT	966
Q	A	Q	G	F	A	V	L	Y	Q	A	V	K	E	E	L	P	Q	E	R	331
CAG	GCC	CAG	GGA	TTT	GCT	GTT	TTA	TAC	CAA	GCC	GTC	AAG	GAA	GAA	CTG	CCA	CAG	GAG	AGG	1026

Fig. 1B

3 / 95

P	A	V	N	Q	C	A	G	T	V	A	E	V	I	T	E	Q	A	N	L	S	V	S	351
CCC	GCT	GTC	AAC	CAG	CAG	ACG	ACG	GTG	GAG	GCC	GAG	GTG	ATC	ACG	GAG	CAG	CAG	GCC	AAC	CTC	AGT	GTC	AGC 1086
A	A	R	S	S	TCC	TCC	AAA	GTC	TAT	CTC	TAT	GTC	ATC	ACC	ACC	AGC	CCC	AGC	CAC	CCA	CCT	P	Q 371
GCT	GCC	CGG	TCC	TCC	AAA	GTC	AAA	GTC	TAT	CTC	TAT	GTC	ATC	ACC	ACC	AGC	CCC	AGC	CAC	CCA	CCT	P	Q 371
T	V	P	G	S	N	S	N	S	A	P	A	P	P	M	G	A	G	S	H	R	V	E	391
ACT	GTC	CCA	GGT	AGC	AAT	TCC	TGG	GCG	CCA	CCC	ATG	GGG	GCT	GGA	AGC	CAC	AGA	GTT	GAA	1206			
G	W	T	V	Y	G	L	A	T	L	L	I	L	T	V	T	A	I	V	A	411			
GGA	TGG	ACA	GTC	TAT	GGT	CTG	GCA	ACT	CTC	CTC	ATC	CTC	ACA	GTC	ACA	GCC	ATT	GTA	GCA	1266			
K	I	L	L	H	V	T	F	K	S	H	R	V	P	A	S	G	D	L	R	431			
AAG	ATA	CTT	CTG	CAC	GTC	ACA	TTC	AAA	TCC	CAT	CGT	GTT	CCT	GCT	TCA	GGG	GAC	CTT	AGG	1326			
D	C	H	Q	P	G	T	S	G	E	I	W	S	I	F	Y	K	P	S	T	451			
GAT	TGT	CAT	CAA	CCA	GGG	ACT	TCG	GGG	GAA	ATC	TGG	AGC	ATT	TTT	TAC	AAG	CCT	TCC	ACT	1386			
S	I	S	I	F	K	K	K	L	K	G	Q	S	Q	Q	D	D	R	N	P	471			
TCA	ATT	TCC	ATC	TTT	AAG	AAG	AAA	CTC	AAG	GGT	CAG	AGT	CAA	CAA	GAT	GAC	CGC	AAT	CCC	1446			
L	V	S	D	*																476			
CTT	GTG	AGT	GAC	TAA																1461			

Fig. 1C

4 / 95

AAACCCACTGTGCCTAGGACTTGAAGTCCCTCTTTGAGCTCAAGGCTGCCGTGGTCAACCTCTCCTGTGGTTCTTCTC 1540  
TGACAGACTTTCCTCCTCTCCTCTGCGCTCTTTCGGGAAACCTCCTCCTACAGACTAGGAAGGACCT 1620  
GCTGCCAGGCAGCAGCCTGGATTCCCTCCTGCTT 1657

Fig. 1D

GTCGACCCACGGTCCGCCCGGCTCCCGGTGCTGCCCTCTGCCCCGGCGCGCGGGGTCCCCGCACTGACGGCC 79  
M A P P A A R L A L L S A A A L T L A 19  
C ATG GCG CCG CCC GCC GCG CTC CGT CTC GCG CTC TCC GCC GCT GCG CTC ACT CTG GCG 137  
A R P A P G P R S G P E C F T A N G A D 39  
GCC CGG CCC GCG CCC GGT CCC CGC TCC GGC CCC GAG TGC TTC ACA GCC AAC GGT GCA GAT 197  
Y R G T Q S W T A L Q G G GGT CAA GGT GGG AAG CCA TGT CTG TTC TGG AAC 257  
TAC AGG GGA ACA CAG AGC TGG ACA GCG CTG CAA GGT GGT GGG AAG CCA TGT CTG TTC TGG AAC 257  
E T F Q H P Y N T L K Y P N G E G L G 79  
GAG ACT TTC CAG CAT CCG TAC AAC ACG CTG AAG TAC CCC AAC GGG GAA GGA CTG GGC 317  
E H N Y C R N P D G D V S P W C Y V A E 99  
GAG CAC AAT TAT TGC AGA AAT CCA GAT GGA GAC GTG AGC CCT TGG TGC TAC GTG GCC GAG 377

Fig.1E

5 / 95

H	E	D	G	G	V	Y	W	K	Y	C	E	I	P	A	C	Q	M	P	G	N	119
CAT	GAG	GAC	GGA	GTC	TAC	TGG	AAG	TAC	TGT	GAA	ATT	CCT	GCC	TGC	CAG	ATG	CCT	GGA	AAC	437	
L	G	C	Y	K	D	H	G	N	P	P	P	L	T	G	T	S	K	T	S	139	
CTT	GGC	TGC	TAC	AAG	GAT	CAT	GGA	AAC	CCA	CCT	CCT	CTC	ACG	GGC	ACC	AGT	AAA	ACC	TCT	497	
N	K	L	T	I	Q	T	C	I	S	F	C	R	S	Q	R	F	K	F	A	159	
AAC	AAG	CTC	ACC	ATA	CAA	ACC	TGT	ATC	AGC	TTC	TGT	CGG	AGT	CAG	AGA	TTC	AAG	TTT	GCT	557	
G	M	E	S	G	Y	A	C	F	C	G	N	P	D	Y	W	K	H	G	G	179	
GGG	ATG	GAG	TCA	GGC	TAT	GCC	TGC	TTC	TGT	GGG	AAC	AAT	CCT	GAC	TAC	TGG	AAG	CAC	GGG	617	
E	A	A	S	T	E	C	N	S	V	C	F	G	D	H	T	Q	P	C	G	199	
GAG	GCG	GCC	AGC	ACC	GAG	TGC	AAT	AGT	GTC	TGC	TTC	GGG	GAC	CAC	ACG	CAG	CCC	TGC	GGT	677	
G	D	G	R	I	I	L	F	D	T	L	V	G	A	C	G	G	N	Y	S	219	
GGG	GAC	GGC	AGG	ATT	ATC	CTC	TTT	GAC	ACT	CTC	GTG	GGC	GCC	TGC	GGT	GGG	AAC	TAC	TCA	737	
A	M	A	A	V	V	Y	S	P	D	F	P	D	T	Y	A	T	G	R	V	239	
GCC	ATG	GCA	GCC	GTG	GTG	TAC	TCC	CCT	GAC	TTC	CCT	GAC	ACC	TAC	GCC	ACT	GGC	AGA	GTC	797	
C	Y	W	T	I	R	V	P	G	A	S	R	I	H	F	N	F	T	L	F	259	
TGC	TAC	TGG	ACC	ATC	CGG	GTT	CCA	GGA	GCC	TCT	CGC	ATC	CAT	TTC	AAC	TTC	ACC	CTG	TTT	857	
D	I	R	D	S	A	D	M	V	E	L	L	D	G	Y	T	H	R	V	L	279	
GAT	ATC	AGG	GAC	TCT	GCA	GAC	ATG	GTG	GAG	CTG	CTG	GAC	GGC	TAC	ACC	CAC	CGC	GTC	CTG	917	

Fig.1F

6 / 95

V	R	L	S	G	R	S	R	P	P	L	S	F	N	V	S	L	D	F	V	299
GTC	CGG	CTC	AGT	GGG	AGG	AGC	CGC	CCG	CCT	CTG	TCT	TTC	AAT	GTC	TCT	CTG	GAT	TTT	GTC	977
I	L	Y	F	F	S	D	R	I	N	Q	A	Q	G	F	A	V	L	Y	Q	319
ATT	TTG	TAT	TTC	TTC	TCT	GAT	CGC	ATC	AAT	CAG	GCC	CAG	GGA	TTT	GCT	GTG	TTG	TAC	CAA	1037
A	T	K	E	E	P	P	Q	E	R	P	A	V	N	Q	T	L	A	E	V	339
GCC	ACC	AAG	GAG	GAA	CCG	CCA	CAG	GAG	AGA	CCT	GCT	GTC	AAC	CAG	ACC	CTG	GCA	GAG	GTG	1097
I	T	E	Q	A	N	L	S	V	S	A	A	H	S	S	K	V	L	Y	V	359
ATC	ACC	GAG	CAA	GCC	AAC	CTC	AGT	GTC	AGC	GCT	GCC	CAC	TCC	TCC	AAA	GTC	CTC	TAT	GTC	1157
I	T	P	S	P	S	H	P	P	Q	T	A	Q	V	A	I	P	G	H	R	379
ATC	ACC	CCC	AGC	CCC	AGC	CAC	CCT	CCG	CAG	ACT	GCC	CAG	GTA	GCC	ATT	CCT	GGG	CAC	CGT	1217
Q	L	G	P	T	A	T	E	W	K	D	G	L	C	T	A	W	R	P	S	399
CAG	TTG	GGG	CCA	ACA	GCC	ACA	GAG	TGG	AAG	GAT	GGA	CTG	TGT	ACG	GCC	TGG	CGA	CCC	TCC	1277
S	S	S	Q	S	Q	Q	L	S	Q	R	F	F	C	M	S	H	L	N	L	419
TCA	TCC	TCA	CAG	TCA	CAG	CAG	TTG	TCG	CAA	AGA	TTC	TTC	TGC	ATG	TCA	CAT	TTA	AAT	CTC	1337
I	E	S	L	H	Q	E	T	L	G	T	V	V	S	L	G	L	L	E	I	439
ATC	GAG	TCC	CTG	CAT	CAG	GAG	ACC	TTA	GGG	ACT	GTC	GTC	AGC	CTG	GGG	CTT	CTG	GAG	ATA	1397
S	G	P	F	S	M	N	L	P	L	Q	S	P	S	L	R	R	S	S	R	459
TCT	GGA	CCA	TTT	TCT	ATG	AAC	CTT	CCA	CTA	CAA	TCT	CCA	TCT	TTA	AGA	AGA	AGC	TCA	AGG	1457

Fig.1G

7 / 95

V R V N K M T A I P S \*  
GTC AGA GTC AAC AAG ATG ACC GCA ATC CCC TCG TGA 471 1493

GTGACTGAAGCCACGCCCTGCATGAGAGGCTCCGCTCCAAGCTCGAGTTTGCTCCCCCTGAGTTCTCCTCTGATGAGTTC 1572  
CCTGCCCTTCCCATTCACCACTCATCTCTTTTGGAGCACCCCTGCTTTAGAGGCAGCCAGCTGGGATCCTCCATCACAT 1651  
GTACCAGCCTGGCTGCTGCTGGGATGTTAAGACAGGCCAGGCTGACAGGACACAGCTGGACCTGACTCCAGAAGA 1730  
CTCTTGGGTGGGAGGTATAGTGTAGGATGAGTTTCTTGTCTTCTGTTTGTCCACATACAGATCGGTTTC 1809  
CCCTGTCTTTACAGTTTGCAATAGAGCCAGACTGAAAGAACTGTCAAGTTTCTAGGCTGGCCTGGTCCCCACTAAGA 1888  
GTGGCATTTGGCCCCCTAGAGGCCCTAGAGGCCCTAGGCTTTGAGCTTTCTCTGCTGCCAACTACCATGTGTCACT 1967  
AGTCCGAGGGACTGAGAGCAGGGCCACACAGATGTCACTTTCTAGAGGGTTCTTTTAGTACCCACTGACCCAATGG 2046  
GGCAAGCCTGAGGATTGGTCCATCTGTTTGTCCATGGAACACAGACAGTGAACCTCCTGGATACCTAGACTTAAGTACC 2125  
TAGCCCTCAAGTAGTTGCCAATCCTGTGGAAATCAGAAATTCAGCCTGTCTTCTGCTCAGCCCCAAGCCTGTAGCCTAG 2204  
AGCTGGGGCTGTAGCCTAGAGCTGGGGCTGTAGCCTAGAGCTGGGGCTGTAGCACAGAGCTGGGGCTGTAGCCTAGAGC 2283  
TGGGGCTGTAGCACAGAGCTGGGGCTGTAGCCTAGAGCTGGGGCTGTAGCACAGAGCTGGGGCTGTAGCACAGAGCTGG 2362  
GGCTGTAGCCTAGAGCTGGGGCTGTAGCACAGAGCTGGGGCTGTAACTCAGCGATCAAGAGCTTGCTTTGTATACATCG 2441  
GACCCTAGGTTCTATCCAGCACTATCAGAAAGGTGGGAGAGAAAGACTGCACATAGCATGCGGGCAGCATCTGTGG 2520  
TTCCCTACGTGAGGTGTCATCATTTTAAAGCAGATCAAAACTACCCGAGTTTGTCTCTTTGTCCCTTATCATGGGAGC 2599  
AGAGTAGGAGTAAGGGCTCTGGTCTTGTCTCATTTGCTCCAGACAGGAGGAGGAGGAAAGGTCAAGCTTGGGAACTGGA 2678  
GATCCTCCAGGAAAAGCTGCAAGATTGAGAGACCCAGCTGCAGTTGGGAGAGGAAGGCCATCCCCGACTGAGAAGTC 2757  
CTGCAGTCTGGAAGTGGCTTTGTAGCAGCAGCTGTGCCCTGAAGGTAGACCTTGGTCACTCTCCTGCCAGCCCTTGA 2836  
GCCTCTGCTCTCCTGGGTACCCCTCCTGGAACACCATGCTAACCTTCCCCGAGTCTCTCAGTCACTGCCATTGAGGCCCTC 2915  
TCCCTAGCTGCTGCCAGGACTGTCTGGGGCCATCTGGGATCAGGAGAGGAGGAGGAGTACTGACGAGGCAG 2994  
TGACCTGAGCTGATGAGTCAACCAGAGGACACAGAGTCTACAGTGGGCTGGCTGGCTCAGCTCCTATGGGAGGCC 3073  
TACAGGGGTACTAAGCTAGGGGTGTCATCTCATTTGATCTGGGAAAGGCTACAGGCTCCTGGATGTGAAGACAGGCC 3152  
CACTACATAAGAAGACCACTGGAAATAGACTGACAGGAGCAGGTTCCACTCTAGGCTGTCCATAGCGTTTGCAGGACTC 3231

Fig.1H

CCCTGAGACCAAGTGTGAGTCACAGAGTGCCATGTGCGTAGTGCAATAAGGATATGGGTTCTTAACCAGGGAAGGCTC 3310  
 ATAGCAGGCCAGGACATTTTTCAGCTCAGAGCACTGGCCCCAGGCTTCCCTTAAGCCACCACCTCACCTGTCTCTTCCCT 3389  
 ATCTCGGACACAGGAAGCAAGCCCAAGTGTGGTGGCAGCTGCGGCTCAGCATTGGTGTCCCAAGGAAGGCGGTGATG 3468  
 TGGCCACGCTCCTTTTGTGTGGGCTTGCCACAGCCCAACACTGCAGGGCCACCTTCTCTCTTGGGGGTAGGGACAC 3547  
 ATAAGGAAACTAACCCACCTCAACAACAGCAGAGGACAGTGGGAAGGAGGCTGTAAATCACCCAGGCCAGACCTC 3626  
 CAGAAATGACAGGCACAGTCTGTTAGAACCTGTAGGCAGCCAGTCACAGAGGGCTTTGTGCTGTTAAACACCCCTGCCCTG 3705  
 GAGCATAGGGGTAAAGCCGAGGAGAACAGCAGCCCTCAGAGACATCAGCTAAACATAGGTGCCCTATGTCCCTCCCT 3784  
 TCCTGTCACTGCTTACAAAGCAGAGACAGAGTAGGAAAGAGGTCTTCACTCTCCACATCAGCAAGGATAGGGCT 3863  
 GCGGCTGCCCTAAAGTGAGCAAGGAGAACAGAGCTCTGGACTTCTCTAAATGTGGGCTCTGGCTTCAGACTCCTCAGCCA 3942  
 AAAGCTCTTGAAATCAAGATCAAGCTCTGGGGGTACAGCTGTCTGGCTGTGGCCAGCCCATGGGATGTCCCTGGGCCAG 4021  
 GTGCCACCCCAAGCTCACTGTCTATCCAGGAGGACCCCACTGATGCTCTCATCATCCGCTGGCCTGACACTATCA 4100  
 GAGCTCGCGCGGCTGTGCCAGGACAGACTGACTACACTTGACCTTCAAGAGCACTTAGAAGTGGATGGCCTCCAGA 4179  
 CTCTGTGAGCCTCTGCAGGGGCCACACAAGTCTCCCGAGCCCAAGTCCCAAGCTCCATGGTTCCTGGCTCCTCCT 4258  
 GTGGAGTGTCTTGTGATGTCTGAGTCTGCTTTGGGTACCGCCCTGGGAACCTGCTAACCTCCGATTTGGTCCCTTTGT 4337  
 GTCTCTGTTTACTGTCTCTTCTACCTCCAGGTCACTTAGCTCTGGCTGCTCTGGCTGGGAGTGGGGGTGGGATGCT 4416  
 GGCTGCACCCCAAGCTGGTCTGCCAACAGAACCTGGGGCTCACACGGGCTCTCTCTCTTAGAGGGAGTGGCCGAAGTGT 4495  
 AACTGGCCCAAGCTGAGTGGGCGAGCAACAAGTGGAAAGGGATCTCTCTCTTAGAGGGAGTGGCCGAAGTGT 4574  
 AGATCCAGCGAGGAGCTGCCATCCCCGCCACCTTCAATAGCAGCAAGACCTTCCCATTTCCAAATCTCACCTCCAGCAG 4653  
 GGATATGACTTTGGACAACAAGGCTTTATTTGTAAATATGCTCTTAAATATGCAACTTTGAGAAATAGATAAGAAATCA 4732  
 TGTATTTTAAATATAAATGAAGTGTGACACACTGTATACAATTTAATATATATATTTTAGGATTTTGTATTTAAGAA 4811  
 AATGGAAATGTGATGGTACTTAACTTTTACAAAAGAGAGAAAATGTTATTTTACTGTTTGAAGAAAAATAATATCTCA 4890  
 TTGTTGTAGAAAAAATAAAGGCGGCCG 4928

Fig.1I



	10	20	30	40	50	60	70
Hum.	MAPPARLALLSAAALTLAARPAPSPGLPGPECF	TANGADYRG	TQNWWTALQGKPClFWNETFQH	PYNT			
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	MAPPARLALLSAAALTLAARPAPGPR--SGPEC	F	TANGADYRG	TQSWTALQGKPClFWNETFQH	PYNT		
	10	20	30	40	50	60	
	80	90	100	110	120	130	140
Hum.	LKYPNGEGGLGEHNYCRNPDGDVSPWCYVAEHEDGVYWKYCEI	PACQMPGNLGCYKD	HGNPPLTGTSKT				
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	LKYPNGEGGLGEHNYCRNPDGDVSPWCYVAEHEDGVYWKYCEI	PACQMPGNLGCYKD	HGNPPLTGTSKT				
	70	80	90	100	110	120	130
	150	160	170	180	190	200	210
Hum.	SNKLTIQTCISFCRSQRKFAGMESGYACFCGNNPDYWKYGEAA	STECNSVCFGDHTQPCGGDGRIILFD					
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	SNKLTIQTCISFCRSQRKFAGMESGYACFCGNNPDYWKHGEAA	STECNSVCFGDHTQPCGGDGRIILFD					
	140	150	160	170	180	190	200
	220	230	240	250	260	270	280
Hum.	TLVGACGGNYSAMSSVVYSPDFPDYATGRVCYWTIRVPGASHIH	SFPLEDIRDSADMVELLDGYTHRV					
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	TLVGACGGNYSAMAAVVYSPDFPDYATGRVCYWTIRVPGASRIH	NFTLFDIRDSADMVELLDGYTHRV					
	210	220	230	240	250	260	270

**Fig. 1J**

FIG. 1K

Hum.	LARFHGRSRPPLSFNVSLDFVILYFFSDRINQAQGFVLYQAVKEELPQERPAVNQTVAEVITEQANLSV	290	300	310	320	330	340	350
	.....							
Mur.	LVRLSGRSRPPLSFNVSLDFVILYFFSDRINQAQGFVLYQATKEEPPQERPAVNQTVAEVITEQANLSV	280	290	300	310	320	330	340
	.....							
Hum.	SAARSSKVLVYVITTSPPHPPQTVPGSNSWAPPMGAGSHRVEGWTVYGLATLLILTVTAIVAKILLHVTFK	360	370	380	390	400	410	420
	.....							
Mur.	SAAHSSKVLVYVITTSPPHPPQTAQVAIPGHRQLGPTA--TEWKD-GLCTAWRPSSSSQSQQLSQRFFCM	350	360	370	380	390	400	410
	.....							
Hum.	SHRVPASGDLRDCHQPGTSGEIWSIFYKPKSTISIFKKKLKGQSQ-QDDRNPLVSD	430	440	450	460	470		
	.....							
Mur.	SHLNLIESLHQETLGTVVSLGLLEISGPFMSNLPLOSPSLRRSSRVVNKMTAIPS	420	430	440	450	460	470	
	.....							

Fig.1K

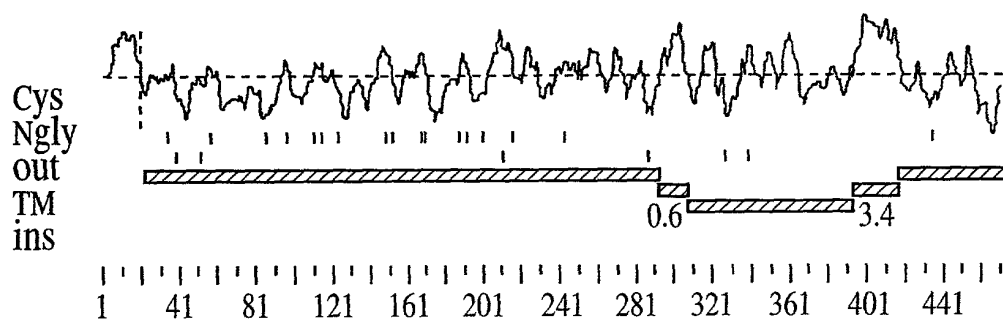


Fig. 1L

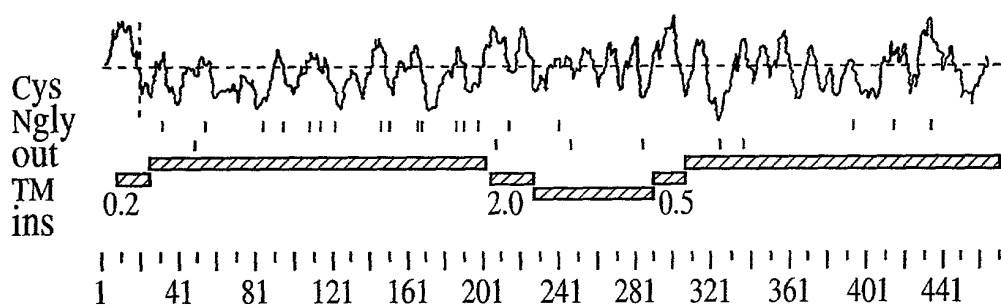


Fig. 1M

12 / 95

GCGGCCGCTCGGATCTAGAACTAGTA	M	M	L	P	Q	N	S	W	H	I	D	F	G	13
														66
R	C	C	C	H	Q	N	L	F	S	A	V	T	C	33
AGA	TGC	TGC	TGT	CAT	CAG	AAC	CTT	TTC	TCT	GCT	GTG	GTA	ACT	126
S	C	F	L	I	S	S	F	N	G	T	D	L	E	53
TCC	TGC	TTT	CTC	ATC	AGC	AGT	TTT	AAT	GGA	ACA	GAT	TTG	GAG	186
D	G	P	C	S	G	T	V	E	V	K	F	Q	G	73
GAC	GGT	CCC	TGC	TCT	GGG	ACA	GTG	GAG	GTG	AAA	TTC	CAG	GGA	246
D	D	G	W	N	T	T	A	S	T	V	V	C	K	93
GAT	GAT	GGG	TGG	AAC	ACT	ACT	GCC	TCA	ACT	GTC	GTG	TGC	AAA	306
S	F	A	M	F	R	F	G	Q	A	V	T	R	H	113
TCT	TTC	GCC	ATG	TTT	CGT	TTT	GGA	CAA	GCC	GTG	ACT	AGA	CAT	366
D	V	S	C	Y	G	N	E	S	A	L	W	E	C	133
GAT	GTT	TCC	TGT	TAT	GGA	AAT	GAG	TCA	GCT	CTC	TGG	GAA	TGT	426
S	H	N	C	Y	H	G	E	D	V	G	V	N	C	153
AGC	CAT	AAC	TGT	TAT	CAT	GGA	GAA	GAT	GTT	GGT	GTG	AAC	TGT	486

Fig. 2A

13 / 95

```

G   L   R   L   V   D   G   N   N   S   C   S   G   R   V   E   V   K   F   Q   173
GGT TTG AGG CTA GTG GAT GGA AAC AAC TCC TGT TCA GGG AGA GTG GAG GTG AAA TTC CAA 546

E   R   W   G   T   I   C   D   D   G   W   N   L   N   T   A   A   V   V   C   193
GAA AGG TGG GGG ACT ATA TGT GAT GAT GGG TGG AAC TTG AAT ACT GCT GCC GTG GTG TGC 606

R   Q   L   G   C   P   S   S   F   I   S   S   G   V   V   N   S   P   A   V   213
AGG CAA CTA GGA TGT CCA TCT TCT TCT ATT TCT TCT TCT GGA GTT GTT AAT AGC CCT GCT GTA 666

L   R   P   I   W   L   D   D   I   L   C   Q   G   N   E   L   A   L   W   N   233
TTG CGC CCC ATT TGG CTG GAT GAC ATT TTA TGC CAG GGG AAT GAG TTG GCA CTC TGG AAT 726

C   R   H   R   G   W   G   N   H   D   C   S   H   N   E   D   V   T   L   T   253
TGC AGA CAT CGT GGA TGG GGA AAT CAT GAC TGC TGC AGT CAC AAT GAG GAT GTC ACA TTA ACT 786

C   Y   D   S   S   D   L   E   L   R   L   V   G   G   T   G   T   N   R   C   M   G   273
TGT TAT GAT AGT AGT GAT CTT GAA CTA AGG CTT GTA GGT GGA ACT AAC CGC TGT ATG GGG 846

R   V   E   L   K   I   Q   G   R   W   G   T   V   C   H   H   K   W   N   N   293
AGA GTA GAG CTG AAA ATC CAA GGA AGG TGG GGG ACC GTA TGC CAC CAT AAG TGG AAC AAT 906

A   A   A   D   V   V   C   K   Q   L   G   C   G   T   A   L   H   F   A   G   313
GCT GCA GCT GAT GTC GTA TGC AAG CAG TTG GGA TGT GGA ACC GCA CTT CAC TTC GCT GGC 966

L   P   H   L   Q   S   G   S   D   V   V   W   L   D   G   V   S   C   S   G   333
TTG CCT CAT TTG CAG TCA GGG TCT GAT GTT GTA TGG CTT GAT GGT GTC TCC TCC GGT 1026

```

Fig. 2B

14 / 95

N	E	S	F	L	W	D	C	R	H	S	G	T	V	N	F	D	C	L	H	353
AAT	GAA	TCT	TTT	CTT	TGG	GAC	TGC	AGA	CAT	TCC	GGA	ACC	GTC	AAT	TTT	GAC	TGT	CTT	CAT	1086
Q	N	D	V	S	V	I	C	S	D	G	A	D	L	E	L	R	L	A	D	373
CAA	AAC	GAT	GTG	TCT	GTG	ATC	TGC	TCA	GAT	GGA	GCA	GAT	TTG	GAA	CTG	CGA	CTA	GCA	GAT	1146
G	S	N	N	C	S	G	R	V	E	V	R	I	H	E	Q	W	T	I	I	393
GGA	AGT	AAC	AAT	TGT	TCA	GGG	AGA	GTA	GAG	GTG	AGA	ATT	CAT	GAA	CAG	TGG	TGG	ACA	ATA	1206
C	D	Q	N	W	K	N	E	Q	A	L	V	V	C	K	Q	L	G	C	P	413
TGT	GAC	CAG	AAC	TGG	AAG	AAT	GAA	CAA	GCC	CTT	GTG	GTT	TGT	AAG	CAG	CTA	GGA	TGT	CCG	1266
F	S	V	F	G	S	R	R	A	K	P	S	N	E	A	R	D	I	W	I	433
TTC	AGC	GTC	TTT	GGC	AGT	CGT	CGT	GCT	AAA	CCT	AGT	AAT	GAA	GCT	AGA	GAC	ATT	TGG	ATA	1326
N	S	I	S	C	T	G	N	E	S	A	L	W	D	C	T	Y	D	G	K	453
AAC	AGC	ATA	TCT	TGC	ACT	GGG	AAT	GAG	TCA	GCT	CTC	TGG	GAC	TGC	ACA	TAT	GAT	GGA	AAA	1386
A	K	R	T	C	F	R	R	S	D	A	G	V	I	C	S	D	K	A	D	473
GCA	AAG	CGA	ACA	TGC	TTC	CGA	AGA	TCA	GAT	GCT	GGA	GTA	ATT	TGT	TCT	GAT	AAG	GCA	GAT	1446
L	D	L	R	L	V	G	A	H	S	P	C	Y	G	R	L	E	V	K	Y	493
CTG	GAC	CTA	AGG	CTT	GTC	GGG	GCT	CAT	AGC	CCC	TGT	TAT	GGG	AGA	TTG	GAG	GTG	AAA	TAC	1506
Q	G	E	W	G	T	V	C	H	D	R	W	S	T	R	N	A	A	V	V	513
CAA	GGA	GAG	TGG	GGG	ACT	GTG	TGT	CAT	GAC	AGA	TGG	AGC	ACA	AGG	AAT	GCA	GCT	GTT	GTG	1566

Fig. 2C

15 / 95

C K Q L G C G G K P M H V F G M T Y F K E 533  
 TGT AAA CAA TTG GGA TGT GGA AAG CCT ATG CAT GTG TTT GGT ATG ACC TAT TTT AAA GAA 1626  
  
 A S G P I W L D D V S C I G N E S N I W 553  
 GCA TCA GGA CCT ATT TGG CTG GAT GAC GTT TCT TGC ATT GGA AAT GAG TCA AAT ATC TGG 1686  
  
 D C E H S G W G K H N C V H R E D V I V 573  
 GAC TGT GAA CAC AGT GGA TGG GGA AAG CAT AAT TGT GTA CAC AGA GAG GAT GTG ATT GTA 1746  
  
 T C S G D A T W G L R L V G G S N R C S 593  
 ACC TGC TCA GGT GAT GCA ACA TGG GGC CTG AGG CTG GTG GGC GGC AGC AAC CGC TGC TCG 1806  
  
 G R L E V Y F Q G R W G T V C D D G W N 613  
 GGA AGA CTG GAG GTG TAC TTT CAA GGA CGG TGG GGC ACA GTG TGT GAT GAC GGC TGG AAC 1866  
  
 S K A A A V V C S Q L D C P S S I I G M 633  
 AGT AAA GCT GCA GCT GTG GTG TGT AGC CAG CTG GAC TGC CCA TCT TCT ATC ATT GGC ATG 1926  
  
 G L G N A S T G Y G K I W L D D V S C D 653  
 GGT CTG GGA AAC GCT TCT ACA GGA TAT GGA AAA ATT TGG CTC GAT GAT GTT TCC TGT GAT 1986  
  
 G D E S D L W S C R N S G W G N N D C S 673  
 GGA GAT GAG TCA GAT CTC TGG TCA TGC AGG AAC AGT GGG TGG GGA AAT AAT GAC TGC AGT 2046  
  
 H S E D V G V I C S D A S D M E L R L V 693  
 CAC AGT GAA GAT GTT GGA GTG ATC TGT TCT GAT GCA TCG GAT ATG GAG CTG AGG CTT GTG 2106

Fig. 2D

16 / 95

G	G	S	S	R	C	A	G	K	V	E	V	N	V	Q	G	A	V	G	I	713
GGT	GGA	AGC	AGC	AGG	TGT	GCT	GGA	AAA	GTT	GAG	GTG	AAT	GTC	CAG	GGT	GCC	GTG	GGA	ATT	2166
L	C	A	N	G	W	G	M	N	I	A	E	V	V	C	R	Q	L	E	C	733
CTG	TGT	GCT	AAT	GGC	TGG	GGA	ATG	AAC	ATT	GCT	GAA	GTT	GTT	TGC	AGG	CAA	CTT	GAA	TGT	2226
G	S	A	I	R	V	S	R	E	P	H	F	T	E	R	T	L	H	I	L	753
GGG	TCT	GCA	ATC	AGG	GTC	TCC	AGA	GAG	CCT	CAT	TTC	ACA	GAA	AGA	ACA	TTA	CAC	ATC	TTA	2286
M	S	N	S	G	C	T	G	G	E	A	S	L	W	D	C	I	R	W	E	773
ATG	TCG	AAT	TCT	GGC	TGC	ACT	GGA	GGG	GAA	GCC	TCT	CTC	TGG	GAT	TGT	ATA	CGA	TGG	GAG	2346
W	K	Q	T	A	C	H	L	N	M	E	A	S	L	I	C	S	A	H	R	793
TGG	AAA	CAG	ACT	GCG	TGT	CAT	TTA	AAT	ATG	GAA	GCA	AGT	TTG	ATC	TGC	TCA	GCC	CAC	AGG	2406
Q	P	R	L	V	G	A	D	M	P	C	S	G	R	V	E	V	K	H	A	813
CAG	CCC	AGG	CTG	GTT	GGA	GCT	GAT	ATG	CCC	TGC	TCT	GGA	CGT	GTT	GAA	GTG	AAA	CAT	GCA	2466
D	T	W	R	S	V	C	D	S	D	F	S	L	H	A	A	N	V	L	C	833
GAC	ACA	TGG	CGC	TCT	GTC	TGT	GAT	TCT	GAT	TTC	TCT	CTT	CAT	GCT	GCC	AAT	GTG	CTG	TGC	2526
R	E	L	N	C	G	D	A	I	S	L	S	V	G	D	H	F	G	K	G	853
AGA	GAA	TTA	AAT	TGT	GGA	GAT	GCC	ATA	TCT	CTT	TCT	GTG	GGA	GAT	CAC	TTT	GGA	AAA	GGG	2586
N	G	L	T	W	A	E	K	F	Q	C	E	G	S	E	T	H	L	A	L	873
AAT	GGT	CTA	ACT	TGG	GCC	GAA	AAG	TTC	CAG	TGT	GAA	GGG	AGT	GAA	ACT	CAC	CTT	GCA	TTA	2646

Fig. 2E



17 / 95

C	P	I	V	Q	H	P	E	D	T	C	I	H	S	R	E	V	G	V	V	893
TGC	CCC	ATT	GTT	CAA	CAT	CCG	GAA	GAC	ACT	TGT	ATC	CAC	AGC	AGA	GAA	GTT	GGA	GTT	GTC	2706
C	S	R	Y	T	D	V	R	L	V	N	G	K	S	Q	C	D	G	Q	V	913
TGT	TCC	CGA	TAT	ACA	GAT	GTC	CGA	CTT	GTG	AAT	GGC	AAA	TCC	CAG	TGT	GAC	GGG	CAA	GTG	2766
E	I	N	V	L	G	H	W	G	S	L	C	D	T	H	W	D	P	E	D	933
GAG	ATC	AAC	GTG	CTT	GGA	CAC	TGG	GGC	TCA	CTG	TGT	GAC	ACC	CAC	TGG	GAC	CCA	GAA	GAT	2826
A	R	V	L	C	R	Q	L	S	C	G	T	A	L	S	T	T	G	G	K	953
GCC	CGT	GTT	CTA	TGC	AGA	CAG	CTC	AGC	TGT	GGG	ACT	GCT	CTC	TCA	ACC	ACA	GGA	GGA	AAA	2886
Y	I	G	E	R	S	V	R	V	W	G	H	R	F	H	C	L	G	N	E	973
TAT	ATT	GGA	GAA	AGA	AGT	GTT	CGT	GTG	TGG	GGA	CAC	AGG	TTT	CAT	TGC	TTA	GGG	AAT	GAG	2946
S	L	L	D	N	C	Q	M	T	V	L	G	A	P	P	C	I	H	G	N	993
TCA	CTT	CTG	GAT	AAC	TGT	CAA	ATG	ACA	GTT	CTT	GGA	GCA	CCT	CCC	TGT	ATC	CAT	GGA	AAT	3006
T	V	S	V	I	C	T	G	S	L	T	Q	P	L	F	P	C	L	A	N	1013
ACT	GTC	TCT	GTG	ATC	TGC	ACA	GGA	AGC	CTG	ACC	CAG	CCA	CTG	TTT	CCA	TGC	CTC	GCA	AAT	3066
V	S	D	P	Y	L	S	A	V	P	E	G	S	A	L	I	C	L	E	D	1033
GTA	TCT	GAC	CCA	TAT	TTG	TCT	GCA	GTT	CCA	GAG	GGC	AGT	GCT	TTG	ATC	TGC	TTA	GAG	GAC	3126
K	R	L	R	L	V	D	G	D	S	R	C	A	G	R	V	E	I	Y	H	1053
AAA	CGG	CTC	CGC	CTA	GTG	GAT	GGG	GAC	AGC	CGC	TGT	GCC	GGG	AGA	GTA	GAG	ATC	TAT	CAC	3186

Fig. 2F

18 / 95

D	G	F	W	G	T	I	C	D	D	G	W	D	L	S	D	A	H	V	V	1073
GAC	GGC	TTC	TGG	GGC	ACC	ATC	TGT	GAT	GAC	GGC	TGG	GAC	CTG	AGC	GAT	GCC	CAC	GTG	GTG	3246
C	Q	K	L	G	C	G	V	A	F	N	A	T	V	S	A	H	F	G	E	1093
TGT	CAA	AAG	CTG	GGC	TGT	GGA	GTG	GCC	TTC	AAT	GCC	ACG	GTC	TCT	GCT	CAC	TTT	GGG	GAG	3306
G	S	G	P	I	W	L	D	D	L	N	C	T	G	T	E	S	H	L	W	1113
GGG	TCA	GGG	CCC	ATC	TGG	CTG	GAT	GAC	CTG	AAC	TGC	ACA	GGA	ACG	GAG	TCC	CAC	TTG	TGG	3366
Q	C	P	S	R	G	W	G	Q	H	D	C	R	H	K	E	D	A	G	V	1133
CAG	TGC	CCT	TCC	CGC	GGC	TGG	GGG	CAG	CAC	GAC	TGC	AGG	CAC	AAG	GAG	GAC	GCA	GGG	GTC	3426
I	C	S	E	F	T	A	L	R	L	Y	S	E	T	E	T	E	S	C	A	1153
ATC	TGC	TCA	GAA	TTC	ACA	GCC	TTG	AGG	CTC	TAC	AGT	GAA	ACT	GAA	ACA	GAG	AGC	TGT	GCT	3486
G	R	L	E	V	F	Y	N	G	T	W	G	S	V	G	R	R	N	I	T	1173
GGG	AGA	TTG	GAA	GTC	TTC	TAT	AAC	GGG	ACC	TGG	GGC	AGC	GTC	GGC	AGG	AGG	AAC	ATC	ACC	3546
T	A	I	A	G	I	V	C	R	Q	L	G	C	G	E	N	G	V	V	S	1193
ACA	GCC	ATA	GCA	GGC	ATT	GTG	TGC	AGG	CAG	CAG	CTG	GGC	TGT	GGG	GAG	AAT	GGA	GTT	GTC	3606
L	A	P	L	S	K	T	G	S	G	F	M	W	V	D	I	Q	C	C	P	1213
CTC	GCC	CCT	TTA	TCT	AAG	ACA	GGC	TCT	GGT	TTC	ATG	TGG	GTG	GAT	GAC	ATT	CAG	TGT	CCT	3666
K	T	H	I	S	I	W	Q	C	L	S	A	P	W	E	R	R	I	S	S	1233
AAA	ACG	CAT	ATC	TCC	ATA	TGG	CAG	TGC	CTG	TCT	GCC	CCA	TGG	GAG	CGA	AGA	ATC	TCC	AGC	3726

**Fig. 2G**

19/95

P A E E T W I T C E D R I R V R G G D T 1253  
 CCA GCA GAA GAG ACC TGG ATC ACA TGT GAA GAT AGA ATA AGA GTG CGT GGA GGA GAC ACC 3786  
  
 E C S G R V E I W H A G S W G T V C D D 1273  
 GAG TGC TCT GGG AGA GTG GAG ATC TGG CAC GCA GGC TCC TGG GGC ACA GTG TGT GAT GAC 3846  
  
 S W D L A E A E V V C Q Q L G C G S A L 1293  
 TCC TGG GAC CTG GCC GAG GCG GAA GTG GTG TGT CAG CAG CTG GGC TGT GGC TCT GCT CTG 3906  
  
 A A L R D A S F G Q G T G T I W L D D M 1313  
 GCT GCC CTG AGG GAC GCT TCG TTT GGC CAG GGA ACT GGA ACC ATC TGG TTG GAT GAC ATG 3966  
  
 R C K G N E S F L W D C H A K P S L K S L 1353  
 CGG TGC AAA GGA AAT GAG TCA TTT CTA TGG GAC TGT CAC GCC AAA CCC TGG GGA CAG AGT 4026  
  
 D C G H K E D A G V R C S G Q S L K S L 1353  
 GAC TGT GGA CAC AAG GAA GAT GCT GGC GTG AGG TGC TCT GGA CAG TCG CTG AAA TCA CTG 4086  
  
 N A S S G H L A L I L S S I F G L L L L 1373  
 AAT GCC TCC TCA GGT CAT TTA GCA CTT ATT TTA TCC AGT ATC TTT GGG CTC CTT CTC CTG 4146  
  
 V L F I L L T W C R V Q K Q H L P L 1393  
 GTT CTG TTT ATT CTA TTT CTC ACG TGG TGC CGA GTT CAG AAA CAA CAT CTG CCC CTC 4206  
  
 R V S T R R R G S L E E N L F H E M E T 1413  
 AGA GTT TCA ACC AGA AGG AGG GGT TCT CTC GAG GAG AAT TTA TTC CAT GAG ATG GAG ACC 4266

Fig. 2H

[illegible]

**Fig. 2I**

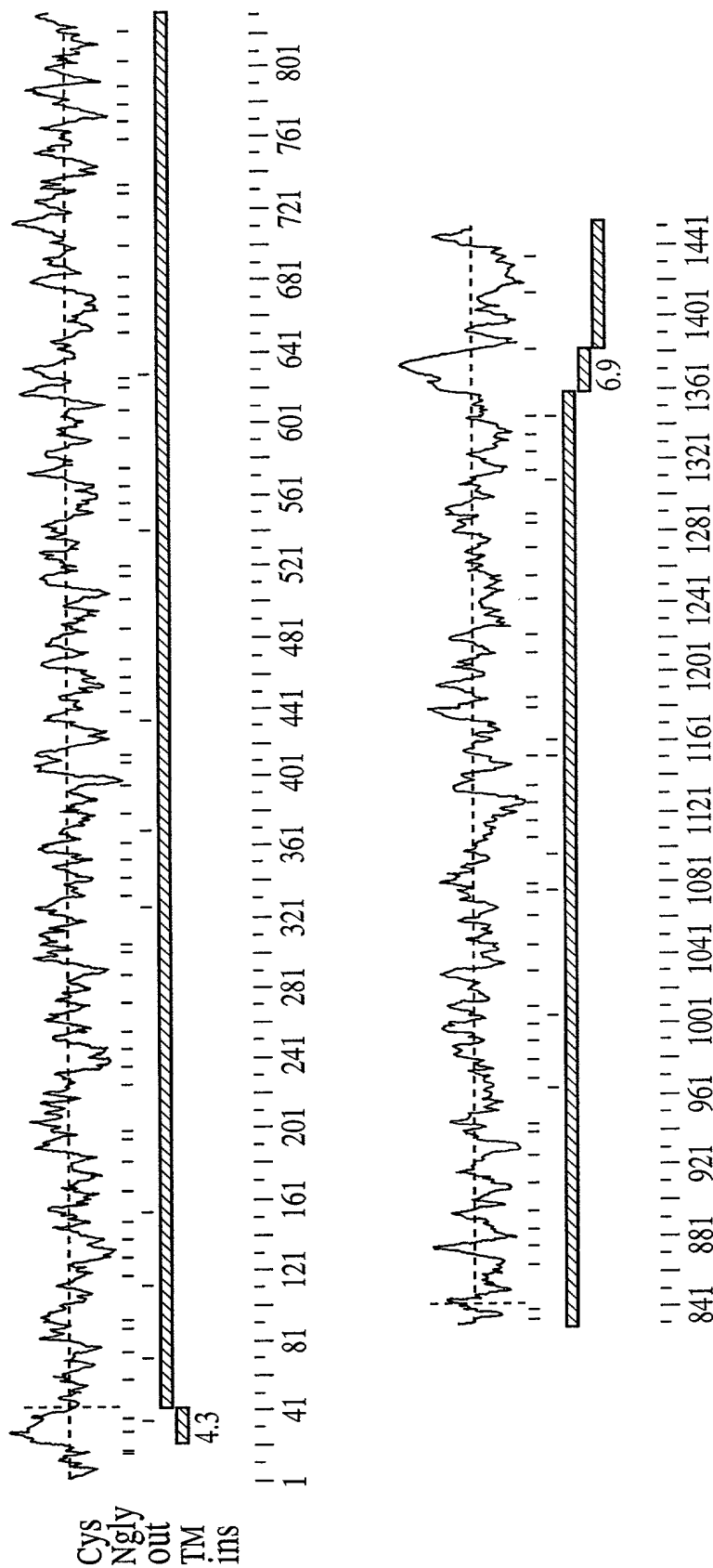


Fig. 2J

Hum.	10	20	30	40	50	60	70
	MMLPQNSWHIDFGRCCCHQNLFS	AVVTCILLNSCFLISSFN	GTDL	ELRLVNGD	GPCSGT	VEVKFQ	QGWG
	:	:	:	:	:	:	:
WC1	MAL-----GR---	HLSLRGL---	CVLLLT	GT--MVG---	GQALELRLKDG	VHRCEGR	VEVKHQGEWG
	10	20	30	40	50		
Hum.	80	90	100	110	120	130	
	TVCDDGWN	TTASTV	VCKQLG	CPFSFAM	FRFGQAV	TR-HGKI	WLDDV
	:	:	:	:	:	:	:
WC1	TVDGYR	WTLK	DASV	CRQLG	CGAAIG-F	PGGAYF	GPGLPI
	60	70	80	90	100	110	
Hum.	140	150	160	170	180	190	200
	CYHG	EDVG	VNCY	GEANL	GLRLV	DGNNS	CSGR
	:	:	:	:	:	:	:
WC1	YNHGR	DAGV	CSG----	FVRL	AGDGP	CSGR	VEVH
	120	130	140	150	160	170	180
Hum.	210	220	230	240	250	260	270
	VVNS	PAVLR	PIWL	DDIL	CQGN	ELAL	WNC
	:	:	:	:	:	:	:
WC1	HEL	FRESSA	QVW	AEFR	CEGE	EPEL	WVC
	190	200	210	220	230	240	250

**Fig. 2K**

23 / 95

Hum. LKIQGRWGTVCCHKWNNAADVVCKQLGCGTALHFAGLPHLQSGSDVWLDGVSCSGNESFLWDCRHS GT 280 290 300 310 320 330 340

WC1 MNISQWRALCASHWSLANANVICRQLGCGVAISTPGGPHLVEEGDQILTARFHCSGAESFLWSCPVTAL 260 270 280 290 300 310 320

Hum. VNFDC LHQNDVSVICSDGADLELRLADGSNNCSGRVEVRIHEQWWTICDQNWKNEQALVVCKQLGCPFSV 350 360 370 380 390 400 410

WC1 GGPDCSHGNTASVICS-GNQI-----QVLPQCND-----SV 330 340 350

Hum. FGSRRAKPSNEARDIWINISCTGNESALWDCITYDGKAKRTCFRRSDAGVICSDKADLDLRLVGAHSPCY 420 430 440 450 460 470 480

WC1 -----SQPTGSA-----ASEDSA-----PY-----CSDSRQL--RLVDGGGPCA 360 370 380

Hum. GRLEVKYQGEWGTVCCHDRWSTRNAAVVCKQLGCGKPMHVFGMTYFKEASGPIWLDDVSCIGNESNIWDCE 490 500 510 520 530 540 550

WC1 GRVEILDQGSWGTICDDGDWLDLDDARVVCRQLGCGEALNATGSAHFGAGSGPIWLDNLNCTGKESHVWRCP 390 400 410 420 430 440 450

Fig. 2L

Hum.	560	570	580	590	600	610	620
	HSGWGKHNCHREDVIVTCSGDATWGLRLVGGNRCGRLEVFQGRWGTVCDDGWNKAAAVVCSQLDC						
	460	470	480	490	500	510	520
WC1	SRGWGQHNCRHKQDAGVICS--EFLALRMVSEDQQCAGWLEVFYNGTWGVSVCRNPMEDITVSTICRQLGC						
Hum.	630	640	650	660	670	680	690
	PSSIIGMGLGNASTGYGKIWLDDVSCDGEDSLWSCNSGWNDCSHSEVDGVICSDASDMELRLVGG						
WC1	530	540	550	560	570	580	590
	GDSGTLNSSVALREGFRPQWVDRIQCRKTDTSLWQCPSPDPWYNNSCSPKEEAYIWCADSR--QIRLVDGG						
Hum.	700	710	720	730	740	750	760
	SRCAGKVEVNVQGA VGILCANGWGMNIAEVVCRQLECGSAIRVSREPHFTERTLHILMSNSGCTGGEASL						
WC1	600	610	620	630	640	650	660
	GRCSGRVEILDQGSWGTCDDRWDLDARVVCKQLGCGEALDATVSSFFGTGSGPIWLDEVNCRGEESQV						
Hum.	770	780	790	800	810	820	830
	WDCIRWENKQTACHLNMEASLICS AHRQPRLVGADMPGCSGRVEVKHADTWRSVCDSD FSLHAANVLCREL						
WC1	670	680	690	700	710	720	730
	WRCPSWGWQRQHCNHQEDAGVICS GF--VRLAGDGP CSGRVEVHSGEAWTPVSDGNFTLPTAQVICAEL						

Fig. 2M



Hum.	840	850	860	870	880	890	900
	NCGDAISLSVGDHFGKGNGLTWAEFQCEGSETHALCPIVQHPEDTCIHSREVGVCSTRYTDVRLV-NG						
WC1	740	750	760	770	780	790	800
	GCGKAVSVLGHMPFRESGQVWAEFRCDGGEPELWSCPRVPCPGTCLHSGAAQVVCVSVYTEVQLMKNG						
Hum.	910	920	930	940	950	960	970
	KSQCDGQVEINVLGHWSGLCDTHWDPEDARVLCRQLSCGTALSTTGKYGIGERSVRVWGHFRHCLGNESL						
WC1	810	820	830	840	850	860	870
	TSQCEGQVEMKISGRWRALCASHWSLANANVVCRLGCGVAISTPRGPHLVEGGDQISTAQFHCSGAESF						
Hum.	980	990	1000	1010	1020	1030	1040
	LDNCQMTVLGAPPCIHGNTVSVICTGSLTQPLFPCLANVSDPYLSAVPEGSALICLEDKRLRLVDGDSRC						
WC1	880	890	900	910	920	930	940
	LWSCPV TALGGPDCSHGNTASVICSGNHTQVLPQCNDFLSQPAGSAAESESSPYCSDSRQLRLVDGGGPC						
Hum.	1050	1060	1070	1080	1090	1100	1110
	AGRVEIYHDFWGTICDDGWDLSDAHVVQC KLGCGVAFNATVSAHFGEGSGPIWLDDLNCTGTESHLWQC						
WC1	950	960	970	980	990	1000	1010
	GGRVEILDQGSWGTICDDDDWDLDDARVVCRQLGCGEALNATGSAHFGAGSGPIWLDDLNCTGKESHVWRC						

Fig. 2N

**Fig. 20**

```

1370      1380      1390      1400      1410
Hum.  LSSIFGLLLVLFILFTWCRVQK-----QKHLPLRVS-----TRRRG-----SLEENLFHME
      :... :... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  LGSLLFLVILVTQLLRW-RAERRALSSYEDALAEAVYEELDYLLTQKEGLGSPDQMTDVPDENYDDAE
1290      1300      1310      1320      1330      1340      1350

Hum.  TC-----LKRDPHGTRTSD-----DTPNHGCEAS-----DTSLLGV
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  EVPVPGTPSPSQGNEEEVPPEKEDGVRSSQTGSLNFSREANPGEGEESFWLLQKKKGAGYDDVELSA
1360      1370      1380      1390      1400      1410      1420

      1430
Hum.  LPASEAT-K
      : : : :
WC1  LGTSPVTFS
1430

```

Fig. 2P

**Fig. 2Q-1**

**Fig. 2Q-1**

29 / 95

```
280      290      300      310      320      330      340
Hum.  TCTTTCGCCATGTTTCGTTTGGACAAGCCGTGA--CTAGACATGGAATAATTGGCTTGATGATGTTTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GCCATTG--GTTTTCCTGGAGGGGCTTATTTGGCCAGGACTTGGCCCCATTTGGCTTTTGTATACTTC
220      230      240      250      260      270      280
350      360      370      380      390      400      410
Hum.  CTGTTATGGAAATGAGTCAGCTCTCTGGGAATGTCAACACCCGGGAATGGGGAAGCCATAACTGTTATCAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ATGTGAAGGACAGAGTCAACTGTCACTGACTGTGAGCAT-TCTAATATTAAGAC-TATC-GTAATGAT
290      300      310      320      330      340      350

420      430      440      450      460      470      480
Hum.  GGAGAAGATGTTGGTGTAACCTGTTATGGTGAAGCCAA-TCTGGGTTTGAG--GCTAG-TGGATGGAAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GGCTATAATCATGGTCGGGA--TGCTGGAGTAGTCTGCTCAGGATTTGTGCGTCTGGCTGGAGGGGATG
360      370      380      390      400      410      420

490      500      510      520      530      540      550
Hum.  AACTCCTGTTCAGGGAGAGTGGAGGTGAAATTCGAAGAAAGGTGGGGACTATATGTGATGATGGGTGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GAC-CCTGCTCAGGGCGAGTAGAAGTGCATT--CTGGAGAAGCTTGGATCCCAGTGT-CTGATGGGAACT
430      440      450      460      470      480
```

Fig. 2Q-2

30 / 95

```

560      570      580      590      600      610      620
Hum.  ACTTGAATACTGCTGCCGTGGTGTGCAGGCAACTAGGATGTCCATCTTCTTTATTTCTTCTGGAGTTGT
      .:. . .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:.
WC1  TCACACTTGCCACTGCC-----CAG-----ATCATCTGT-----GCAGAGTTGGG
490      500      510      520

630      640      650      660      670      680      690
Hum.  TAATAGCCCTGCTGTATTTGGCGCCCATTTGGCTGGATGACATTTTATGCCAGGGAATGAGTTGGCACT-
      .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:.
WC1  TTGTGGC-----AAGGCTG--TGTCGT-----CCTGGGACATGAG-----CTCTT
530      540      550      560

700      710      720      730      740      750      760
Hum.  CTGGAATTGCAGACATCGTGGATGGGAAATCATGACTGCAGTCACAAATGAGGATGTCACATTAAC TTGT
      .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:.
WC1  CAGAGAGTCCAGT-GCC-----CAGGTCGT--GGC-----TGAAGAGTTCA-----GG
570      580      590      600

770      780      790      800      810      820      830
Hum.  TATGATAGTAGTGATCTTGAACTAAGGCTTGAGGTGGAACCTAACCGCTGTATGGGAGAGTAGAGCTGA
      .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:. .:.
WC1  TGTGAGGGGAGGAGCCCTGAGCT-----CT-----GGGTCTGCCC-CAGAGTG-----CCCTG-
610      620      630      640      650
```

Fig. 2Q-3

31 / 95

```

840      850      860      870      880      890      900
Hum.  AAATCCAAGGAGTGGGGACCGTATGCCACCATAAGTGGAAACAATGTCGAGCTGATGTCGTATGCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ---TCCA-----GGGGCAGGTGT--CACCACA-GTGGATC--TGCT-CAGGTTGTTTGTTCAGCAT
      660      670      680      690      700

910      920      930      940      950      960      970
Hum.  GCAGTTGGGATGTGGAACCGCACTTCACCTCGCTGGCTTGCCCTCATTTGCAGTCAGGGTCTGATGTTGTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ACT-----CAGAACTCCGGCTCATGACAA-AC-GGCT--CCTC-TCAG-TGTGAAGGCGCAGGTGGAGAT
      710      720      730      740      750      760

980      990      1000     1010     1020     1030     1040
Hum.  TGGCTTGATGGTGTCTCCTGCTCCGGTAATGAATCTTTCTTTGGGACTGCAGACATTCGGGAACCGTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GAACATT-----TC TG-GACAAATGGAGAGCGCTCTGTGCCTCCC-CTGGAGTCTGGCCAATGCC---A
      770      780      790      800      810      820

1050     1060     1070     1080     1090     1100     1110
Hum.  ATTTTGACTGTCTTCATCAAAACGATGTGTCTGTGATCTGCTCAGATGGAGCAGATTTGGAAC TCGGACT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  ATGTTATCTGCTCAGCTCGGCTGTGGAGTTGCCATCTCCACCCCGGAG-----GACCAC-ACT
      830      840      850      860      870      880
```

Fig. 2Q-4

32 / 95

```

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180
Hum.  AGCAGATGGAAGTAACAATTGTTTCAGGGAGAGTAGAGGTGAGAAATTCA-TGAACAGTGGTGGACAATATG
      :: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1  TG---GTGGAAGAAG---GTGATCAG--ATCCTAACAGCCCGATTTCACCTGCTCTG-----GGGC-----TG
      890      900      910      920      930

1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250
Hum.  TGACCAGAACTGGAAGAATGAACAAGCCCTTGTGTTTGTAAAGCAGCTAGGATGTCCGTTTCAGCGTCTTT
      ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1  AGTCCT-TCCCTGTGGAGTTGT-----CCT-GTGACT-----GCC-CTGGGTGGTCCCTGACTGTTCCCAT
      940      950      960      970      980      990

1260      1270      1280      1290      1300      1310      1320
Hum.  GGCAG-TCGTCGTGCTAAACCTAGTAATGAAGCTAGAGACATTTGGATAAACAGCATATCTTGCACTGGG
      ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1  GGCAACACAGCCTCTGTGATCTGCTCAGGAAACCAGATCCAGGTGCTTCCCCAGTGCAACGA-CTCCG--
      1000      1010      1020      1030      1040      1050      1060

1330      1340      1350      1360      1370      1380      1390
Hum.  AATGAGTCAGCTCTCTGGGACTGCACATATGATGGAAAAGCAAAGCGAACATGCTTCCGAAAGATCAGATG
      ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1  --TGCTCAACCTACAGGCTCTGC-----GGC-----CTCAGAGGACA-GCGCCC-----CCTACTG
      1070      1080      1090      1100
```

Fig. 2Q-5



[illegible]

**Fig. 2Q-6**

34 / 95

```
1670      1680      1690      1700      1710      1720      1730
Hum.  ACACAGTGGATGGGGAAGCATAATTGTGTACACAGAGAGGATGTGATTGTAACCTGCTCAGGTGATGCA
      . : : : : : . : : : : : . : : : : : . : : : : : . : : : : : . : : : : :
WC1  TTCCCGGGCTGGGGCAGCACAACTGCAGACACAAAGCAGGACGCGGGGTCTCTGCTCAG--AGTTC-
1370      1380      1390      1400      1410      1420      1430

1740      1750      1760      1770      1780      1790      1800
Hum.  ACATGGGGCCTGAGGCTGGTGGGGCAGCAACCGCTGCTCGGGAAGACTGGAGGTGTACTTTCAAGGAC
      . : : : : : . : : : : : . : : : : : . : : : : : . : : : : : . : : : : :
WC1  -CT--GGCCCTCAGGATGGTGAGTGAGGACCAGCAGTGTGCTGGGTGGCTGGAAGTTTCTACAATGGGA
1440      1450      1460      1470      1480      1490      1500

1810      1820      1830      1840      1850      1860      1870
Hum.  GGTGGGGCACAGTGTGTGATGACGGCTGGAAACAGTAAAGCTGCAGCTGTGGTGTGTAGCCAGCTGGACTG
      . : : : : : . : : : : : . : : : : : . : : : : : . : : : : : . : : : : :
WC1  CCTGGGGCAGTGTCTGCCGTAACCCCATGGAAGACATCACTGTGTCCACGATCTGCAGACAGCTTGGCTG
1510      1520      1530      1540      1550      1560      1570

1880      1890      1900      1910      1920      1930      1940
Hum.  CCCATCTTCTATCATTTGGCATGGGCTCTG-GGAAACGCTTCTA-CAGGATATGGAATAAATTTGGCTCGATG
      . : : : . : : . : : . : : . : : . : : . : : . : : . : : . : : . : :
WC1  T--GGGGACAGTGGAAACCCCTCAACTCTTCTGTGCTCTTAGAGAAGGTTTATAGGCCACAGTGGGTGGAT-
1580      1590      1600      1610      1620      1630
```

Fig. 2Q-7

**Fig. 2Q-8**

36 / 95

```

2230      2240      2250      2260      2270      2280
Hum.  GAGA-GCCTCATTTACAGAA--AGAACATTACACATCTTAATGTCGAATCTGGCTGCACTGGAGGGGA
      ..  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  CTGTCCTTCCTTCTTCGGACGGGATCAGGGCCCATCTGGCTGGATGAAAGTGAAGTGCAGAGGAGAGGA
1910      1920      1930      1940      1950      1960      1970

2290      2300      2310      2320      2330      2340      2350
Hum.  AGCCTCTCTCTGGGATTGTATACGATGGGAGTGGAAACAG-ACTGCGTGTCAATTAATAATGGAAGCAAG
      . : . : : : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GTCCCAAGTATGGAGGTGCCCTTCCTGGGGATGGCGGCAACACAAC-TGCAATCATCAAGAAGATGCAGG
1980      1990      2000      2010      2020      2030      2040

2360      2370      2380      2390      2400      2410      2420
Hum.  TTGTATCTGCTCAGCCACAGGCAGCCAGGCTGGTTGGAGCTGATATGCCCTGCTCTGGACGTGTGAA
      . : : : : : : : : . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  AGTCATCTGCTCAGGATTTGTGC-----GTCTGGCTGGAGGAGATGGACCCCTGCTCAGGGCGGAGTAGAA
2050      2060      2070      2080      2090      2100

2430      2440      2450      2460      2470      2480      2490
Hum.  GTGAAACATGCAGACACATGGCGCTCTGTCTGTGATTCTGTGATTCTCTCTTCACTGCCCAATGT--GCT
      : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WC1  GTGCATTTCTGGAGAAGCCTGGACCCCAAGTGTCTGTGATGGAAACTTCACACTCCCCACTGCCAGGTCATCT
2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170

```

Fig. 2Q-9

37 / 95

```

2500      2510      2520      2530      2540      2550      2560
Hum.  GTGCAGAGAAATTAATTTGTGGAGATGCCATAATCTTCTGTGGGAGATCACTTTGGAAAAGGG-AATGG
      ::::::::::: :: ::::::::::: :: ::::::::::: :: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1  GTGCAGAGC--TGGGATGTGGCAAGGCTGTGTCT-GTCCCTGGGACACATGCCATTCCAGAGAGTCCGATGG
2180      2190      2200      2210      2220      2230      2240

2570      2580      2590      2600      2610      2620      2630
Hum.  TCTAACTTGGGCCGAAAGTTCCAGTGTGAAGGAGTGAAACTCACCTTGCCATTATGCCCCATTGTTCAA
      ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1  CCAGGTCCTGGGCTGAAGAGTTCAGGTGTGATGGGGGGAGCCCTGAGCTCTGGTCCTGCCCCAGAGTGCCC
2250      2260      2270      2280      2290      2300      2310

2640      2650      2660      2670      2680      2690      2700
Hum.  CATCCGGAAGACACTTGTATCCACAGCAGACAGAAAGTTGGAGTTGTCTGTCCCGATATACAGATGTCCGAC
      ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1  TGTCCAGGAGGCACATGTCTCCACAGTGGAGCTGCTCAGGTTGTCTGTTCAGTGTACACAGAAAGTCCAGC
2320      2330      2340      2350      2360      2370      2380

2710      2720      2730      2740      2750      2760      2770
Hum.  TTGTGAATGGCAAATCC---CAGTGTGACGGGCAAGTGGAGATCAACGTGCT-TGGACACTGGGGCTCAC
      ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
WC1  TTATGAAAAACGGCACCTCTCAATGTGAGGGGCAGGTGGAGAT-GAAGATCTCTGGACCGATGGAGAGCGC
2390      2400      2410      2420      2430      2440      2450
```

Fig. 2Q-10

	2780	2790	2800	2810	2820	2830	2840
Hum.	TGTGTGACACCCTGGGACCCAGAAGATGCCCGTGTCTATGCAGACAGCTCAGCTGTGGACTGCTCT						
	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :						
WC1	TCTGTGCCCTCCCCTGGAGTCTGGCCAATGCCAATGTTGTCTGTCTCAGCTCGGCTGTGGAGTCGCCAT						
	2460	2470	2480	2490	2500	2510	2520
Hum.	2850	2860	2870	2880	2890	2900	2910
	CTCAACCACAGGAGGAAAATAATATTGGAGAAAGAGTGTTCGTGTGGGGACACAGGTTTCATTGCTTA						
	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :						
WC1	CTCACCCCCAGAGGACCACACTTGGTGGAAGGAGGTGATCAGATCTCAACAGCCCCAATTTCACACTGCTCA						
	2530	2540	2550	2560	2570	2580	2590
Hum.	2920	2930	2940	2950	2960	2970	2980
	GGGAATGAGTCACCTTCTGGATAACTGTCAAATGACAGTCTTGGAGCACCTCCCTGTATCCATGGAAATA						
	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :						
WC1	GGGGCTGAGTCCTTCCTGTGGAGTTGTCTCTGTGACTGCCCTTGGGTGGCCTGACTGTTCCCATGGCAACA						
	2600	2610	2620	2630	2640	2650	2660
Hum.	2990	3000	3010	3020	3030	3040	3050
	CTGTCTCTGTGATCTGCACAGGAAGCCTGACCCAGCCACTGTTTCCATG CCTCGCAAATGTATCTGACCC						
	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :						
WC1	CAGCCCTCTGTGATCTGCTCAGGAAACCACACCCAGGTGCTGCCCCAGTGCAACGACTTCCCTGTCTCAACC						
	2670	2680	2690	2700	2710	2720	2730

**Fig. 2Q-11**

```

3060      3070      3080      3090      3100      3110      3120
Hum.  ATATTGCTGCAGTTCAGAGGGCAGTGCTTTGATCTGCTTAGAGGACAAACGGCTCCGCCCTAGTGGAT
      .      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
WC1   TGCAGGCTCTCGGCCCTCAGAGGAGAGTTCTCCCTACTGCTCAGACAGCAGGCAGCTCCGCCCTGGTGGAC
      2740      2750      2760      2770      2780      2790      2800

3130      3140      3150      3160      3170      3180      3190
Hum.  GGGACAGCCGCTGTGCCGGGAGAGTAGAGATCATACAGCGGCTCTGGGCACCATCTGTGATGACG
      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
WC1   GGGGGCGGTCCCTGCGGGCGGAGAGTGGAGATCCTTGACCAGGGCTCCTGGGCACCATCTGTGATGATG
      2810      2820      2830      2840      2850      2860      2870

3200      3210      3220      3230      3240      3250      3260
Hum.  GCTGGGACCTGAGCGATGCCACAGTGGTGTGTCAAAAGCTGGGCTGTGGAGTGGCCTTCAATGCCACGGT
      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
WC1   ACTGGGACCTGGACGATGCCCGTGTGTGTGCAGGCAGCTGGGCTGTGGAGAGCCCTCAATGCCACGGG
      2880      2890      2900      2910      2920      2930      2940

3270      3280      3290      3300      3310      3320      3330
Hum.  CTCTGCTCACTTTGGGGAGGGGTCAGGGCCCATCTGGCTGGATGACCTGAACCTGCACAGGAACGGAGTCC
      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
WC1   GTCTGCTCACTTCGGGGCAGGATCAGGGGCCCATCTGGCTGGACGACCTGAACCTGCACAGGAACGGAGTCC
      2950      2960      2970      2980      2990      3000      3010
```

Fig. 2Q-12

40 / 95

Hum. CACTTGTGGCAGTGCCCTTCCCGCGGCTGGGGCAGCACGACTGCAGGCACAAGGAGGACGAGGGGTCA 3340 3350 3360 3370 3380 3390 3400  
::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: 3400  
WC1 CACGTGTGGAGGTGCCCTTCCCGGGGCTGGGGCGGCACGACTGCAGACACAAGGAGGACGCCGGGGTCA 3020 3030 3040 3050 3060 3070 3080  
3090 3100 3110 3120 3130 3140

Hum. TCTGCTCAGAAATTCACAGCCCTTGAGGCTCTACAGTGAAACTGAAACAGAGAGCTGTGCTGGGAGATTGGA 3410 3420 3430 3440 3450 3460 3470  
::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: 3470  
WC1 TCTGCTCAGAGTTCCTGGCCCTCAGGAT----GGTGAG-CGAGGACCAGCAG-TGTGCTGGGTGGCTGGA 3090 3100 3110 3120 3130 3140

Hum. AGTCTTCTATAACGGGACCTGGGGCAGCGTCGGCAGGAGAAACATCACCCACAGCCATAGCAGGCATTGTG 3480 3490 3500 3510 3520 3530 3540  
::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: 3540  
WC1 GGTTTTCTACAACGGGACCTGGGGCAGTGTCTGCCGACGCCCATGGAAGATATCACTGTGTCCGTGATC 3150 3160 3170 3180 3190 3200 3210

Hum. TGCAGGCAGCTGGGCTGTGGGAGAAATGGAGTTGTACAGCCTCGCCCTTTA--TCT-AAGACAGGCTCTG 3550 3560 3570 3580 3590 3600  
::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: 3600  
WC1 TGCAGACAGCTTGATGTGGGGACAGTGGA--AGTCT-CAACACCTCTGTGTGCTCTCAGGGAAGGTTCTA 3220 3230 3240 3250 3260 3270 3280

Fig. 2Q-13



3610	3620	3630	3640	3650	3660	3670	
Hum.	GTTTCATGTGGGTGATGACATTCAAGTCTCCTAAACGCATATCTCCATATGGCAGTGCCTGTCTGCCCC						
:	:	:	:	:	:	:	:
WC1	GACCCCGGTGGTAGATTAAATTCAGTGTGCGAAATGGATACCTCTCTCTGGCAGTGTCTTCTGGCCCC						
3290	3300	3310	3320	3330	3340	3350	
3680	3690	3700	3710	3720	3730	3740	
Hum.	ATGGAGCGAAGAAATCTCCAGCCCCAGCAGAGACCTGGATCACATGTGAAGATAGAATA----						
:	:	:	:	:	:	:	:
WC1	ATGGAATAACAGTTTCATGCTCTCCAAAGGAGGAAGCCTACATCTCATGTGAAGGAAGAACCCCAAGAGC						
3360	3370	3380	3390	3400	3410	3420	
Hum.	-----TGC-----	3750	3760				
:	:	:	:	:	:	:	:
WC1	TGTCCAACTGCTGCCGCCTGCACACAGACAGAGAGAGCTCCGCCTCAGGGGAGGAGACAGCAGTGTCTCAG						
3430	3440	3450	3460	3470	3480	3490	
3770	3780	3790	3800	3810	3820	3830	
Hum.	GGAGAGTGGAGATCTGGCACGCAGGCTCCTGGGCGCACAGTGTGTGATGACTCCTGGGACCTGGCCGAGGC						
:	:	:	:	:	:	:	:
WC1	GGCGGGTGGAGGTGTGGCACAAACGGCTCCTGGGCGACCGTGTGCGATGACTCCTGGAGCCTGGCAGAGGC						
3500	3510	3520	3530	3540	3550	3560	

**Fig. 2Q-14**

3840    3850    3860    3870    3880    3890    3900  
Hum. GGAAGTGGTGTCAGCAGCTGGGCTGTGGCTCTGCTCTGGCTGCCCTGAGGGACGCTTCGTTTGGCCAG  
    :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.  
WC1 TGAGTGGTGTGTCAGCAGCTGGGCTGTGGCTGTGGCCAGGCCCTGGAAGCCGTGCGGTCTGCAGCATTTGGCCCT  
3570    3580    3590    3600    3610    3620    3630

3910    3920    3930    3940    3950    3960    3970  
Hum. GGAACTGGAACCATCTGGTTGGATGACATGCGGTGCAAAGGAAATGAGTCATTCTATGGGACTGTCACG  
    :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.  
WC1 GGAAATGGGAGCATCTGGCTGGACGAGGTGCAGTGCGGGGCCCCGGAGTCCTCCCCTGTGGGACTGTGTTG  
3640    3650    3660    3670    3680    3690    3700

3980    3990    4000    4010    4020    4030    4040  
Hum. CCAAACCCCTGGGACAGAGTGACTGTGACACAAGGAAGATGCTGGCGTGAGGTGCTCTGG---ACAGTC  
    :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.  
WC1 CGGAGCCCCTGGGGGCAGAGCGACTGCAAGCACGAGGAGGATGCTGGTGTGAGGTGCTCTGCTGTAAAGAC  
3710    3720    3730    3740    3750    3760    3770

4050    4060    4070    4080    4090  
Hum. G-----CTGAAATCACTGAATG--CCT-----CCTCAGGT-CATT---TAGCA-CTTATTTTATCCA  
    :. . :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.  
WC1 AACATTGCCACGACCACAGCAGGACCAAGAACCAACTCAAATTCTCTCCCCTGGCATCTTCTCCCTGCCT  
3780    3790    3800    3810    3820    3830    3840

**Fig. 2Q-15**

43 / 95

```

4100      4110      4120      4130      4140
Hum.  G-----TATCTT-----TGGGCTC-CTTCTC-----CTGGTTCT-----GTTATTCTATTCTCA
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
WC1   GGGGTTCTCTGCCTTATCCTGGGGTCGGCTTCTCTTCCCTGGTCCTCGTCATCCTGGTGACTCAGCTACTCA
3850   3860   3870   3880   3890   3900   3910

      4150      4160      4170      4180
Hum.  CGTGGTG--CCGAGTTCAGAAACAAAAACATCT-----GCCC-----CT-----CAGAGTTT-----
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
WC1   GATGGAGAGCAGAGCGCAGAGCCCTTATCCAGCTATGAAGATGCTCTTGTCTGAAGCTGTGTATGAGGAGCT
3920   3930   3940   3950   3960   3970   3980

      4190      4200      4210      4220
Hum.  -----CAAC-----CAGAAGGAGGG--GTTCT-CTCG---AGGAGAAATTATTCATGA-----
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
WC1   CGATTACCTTCTGACACAGAGAAGGAGTCTGGGCAGCCCCAGATCAGATGACTGATGTCCCTGATGAAAAAT
3990   4000   4010   4020   4030   4040   4050

      4230      4240      4250
Hum.  ---GATGGAG-----ACCTG-----CCTC-----AAGAGAGAGGAC
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
WC1   TATGATGATGCTGAAGAAGTACCAGTGCCCTGGAACCTCCTTCTCCCTCTCAGGGGAATGAGGAGGAAGTGC
4060   4070   4080   4090   4100   4110   4120
```

Fig. 2Q-16

```

4260      4270      4280      4290
Hum. CCACATGGGACAAAGAAC-----CTCAGA-TGACAC---CC-----CCAA-----
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  CCCAGAGAAAGGAGGACGGGTGAGGTCTCTCAGACAGGCTCTTTCTTGAACCTTCTCCAGAGAGGCAGC
4130      4140      4150      4160      4170      4180      4190
Hum. -----CCATGGT--GTGAAGA-----TGCTAGCGACAC-----ATCGCTG--TTGGGAGTT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  TAATCCTGGGGAAGGAGAGAGAGCTTCTGGCTGCTCCAGGGGAAGAAAGGGATGCTGGGTATGATGAT
4200      4210      4220      4230      4240      4250      4260
Hum. CTT-----CCTG-----CCTCTGAAGCCACAAAA
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
WC1  GTTGAACTCAGTGCCCTGGGAACATCCCCAGTGACTTTCTCG
4270      4280      4290      4300
      4310      4320      4330
      4340      4350
```

Fig. 2Q-17

45 / 95

GTCGACCA	CGCTCC	GGTCTGT	GGCTGAGC	ATG	GCC	CTC	CCA	GCC	CTG	GGC	CTG	L	D	P	W	S	12
																	67
L	L	G	L	F	L	F	Q	L	L	L	P	T	T	T	A	G	32
CTC	CTG	GGC	CTT	TTC	CTC	TTC	CAA	CTG	CTG	CTG	CCG	ACG	ACG	ACC	GCG	GGG	127
G	G	G	Q	G	P	M	P	R	V	R	Y	A	G	D	E	R	52
GGA	GGC	GGG	CAG	GGG	CCC	ATG	ATG	CCC	AGG	GTC	AGA	TAC	TAT	GCA	GGG	GAT	187
L	S	F	F	H	Q	K	G	L	Q	D	F	D	T	L	L	S	72
CTT	AGC	TTC	TTC	CAC	CAG	AAG	GGC	CTC	CAG	GAT	TTT	GAC	ACT	CTG	CTC	CTG	247
G	N	T	L	Y	V	G	A	R	E	A	I	L	A	L	D	I	92
GGA	AAT	ACT	CTC	TAC	TAC	GTG	GGG	GCT	CGA	GAA	GCC	ATT	CTG	GCC	TTG	GAT	307
G	V	P	R	L	K	N	M	I	P	W	P	A	S	D	R	K	112
GGG	GTC	CCC	AGG	CTA	AAG	AAC	AATG	ATA	CCG	TGG	CCA	GCC	AGT	GAC	AGA	AAA	367
C	A	F	K	K	K	S	N	E	T	Q	C	F	N	F	I	R	132
TGT	GCC	TTT	AAG	AAG	AAG	AGC	AAT	GAG	ACA	CAG	TGT	TTC	AAC	TTC	ATC	CGT	427
S	Y	N	V	T	H	L	Y	T	C	G	T	F	A	F	S	P	152
TCT	TAC	AAT	GTC	ACC	CAT	CTC	TAC	ACC	TGC	GGC	ACC	TTC	GCC	TTC	AGC	CCT	487
F	I	E	L	Q	D	S	Y	L	L	P	I	S	E	D	K	V	172
TTC	ATT	GAA	CTT	CAA	GAT	TCC	TAC	CTG	TTG	CCC	ATC	TCG	GAG	GAC	AAG	GTC	547

Fig. 3A

46 / 95

K	G	Q	S	P	F	D	P	A	H	K	H	T	A	V	L	V	D	G	M	192
AAA	GGC	CAA	AGC	CCC	TTT	GAC	CCC	GCT	CAC	AAG	CAT	ACG	GCT	GTC	TTG	GTG	GAT	GGG	ATG	607
L	Y	S	G	T	M	N	N	F	L	G	S	E	P	I	L	M	R	T	L	212
CTC	TAT	TCT	GGT	ACT	ATG	AAC	AAC	TTC	CTG	GGC	AGT	GAG	CCC	ATC	CTG	ATG	CGC	ACA	CTG	667
G	S	Q	P	V	L	K	T	D	N	F	L	R	W	L	H	H	D	A	S	232
GGA	TCC	CAG	CCT	GTC	CTC	AAG	ACC	GAC	AAC	TTC	CTC	CGC	TGG	CTG	CAT	CAT	GAC	GCC	TCC	727
F	V	A	A	I	P	S	T	Q	V	V	Y	F	F	F	E	E	T	A	S	252
TTT	GTG	GCA	GCC	ATC	CCT	TCG	ACC	CAG	GTC	GTC	TAC	TTC	TTC	TTC	GAG	GAG	ACA	GCC	AGC	787
E	F	D	F	F	E	R	L	H	T	S	R	V	A	R	V	C	K	N	D	272
GAG	TTT	GAC	TTC	TTT	GAG	AGG	CTC	CAC	ACA	TCG	CGG	GTG	GCT	AGA	GTC	TGC	AAG	AAT	GAC	847
V	G	G	E	K	L	L	Q	K	K	W	T	T	F	L	K	A	Q	L	L	292
GTG	GGC	GGC	GAA	AAG	CTG	CTG	CAG	AAG	AAG	TGG	ACC	ACC	TTC	CTG	AAG	GCC	CAG	CTG	CTC	907
C	T	Q	P	G	Q	L	P	F	N	V	I	R	H	A	V	L	L	P	A	312
TGC	ACC	CAG	CCG	GGG	CAG	CTG	CCC	TTC	AAC	GTC	ATC	CGC	CAC	GCG	GTC	CTG	CTC	CCC	GCC	967
D	S	P	T	A	P	H	I	Y	A	V	F	T	S	Q	W	Q	V	G	G	332
GAT	TCT	CCC	ACA	GCT	CCC	CAC	ATC	TAC	GCA	GTC	TTC	ACC	TCC	CAG	TGG	CAG	GTT	GGC	GGG	1027
T	R	S	S	A	V	C	A	F	S	L	L	D	I	E	R	V	F	K	G	352
ACC	AGG	AGC	TCT	GCG	GTT	TGT	GCC	TTC	TCT	TCT	CTC	TTG	GAC	ATT	GAA	CGT	GTC	TTT	AAG	1087

Fig. 3B

47 / 95

K Y K E L N K E T S R W T T Y R G P E T 372  
AAA TAC AAA GAG TTG AAC AAAC AAA GAA ACT TCA CGC TGG ACT ACT TAT AGG GGC CCT GAG ACC 1147

N P R P G S C S V G P S S D K A L T F M 392  
AAC CCC CGG CCA GGC AGT TGC TCA GTG GGC CCC TCC TCT GAT AAG GCC CTG ACC TTC ATG 1207

K D H F L M D E Q V V G T P L L V K S G 412  
AAG GAC CAT TTC CTG ATG GAT GAG CAA GTG GTG GGC ACG CCC CTG CTG GTG AAA TCT GGC 1267

V E Y T R L A V E T A Q G L D G H S H L 432  
GTG GAG TAT ACA CGG CTT GCA GTG GAG ACA GCC CAG GGC CTT GAT GAT GGC CAC AGC CAT CTT 1327

V M Y L G T T G S L H K A V V S G D S 452  
GTC ATG TAC CTG GGA ACC ACC ACA GGG TCG CTC CAC AAG GCT GTG GTA AGT GGG GAC AGC 1387

S A H L V E E I Q L F P D P E P V R N L 472  
AGT GCT CAT CTG GTG GAA GAG ATT CAG CTG TTC CCT GAC CCT GAA CCT GTT CGC AAC CTG 1447

Q L A P T Q G A V F V G G F S G G V W R V 492  
CAG CTG GCC CCC ACC CAG GGT GCA GTG TTT GTA GGC TTC TCA GGA GGT GTC GTC TGG AGG GTG 1507

P R A N C S V Y E S C V D C V L A R D P 512  
CCC CGA GCC AAC TGT AGT GTC TAT GAG AGC TGT GTG GAC TGT GTC CTT GCC CGG GAC CCC 1567

H C A W D P E S R T C C L L S A P N L N 532  
CAC TGT GCC TGG GAC CCT GAG TCC CGA ACC TGT TGC CTC CTG TCT TCT GCC CCC AAC CTG AAC 1627

Fig. 3C

48 / 95

S W K Q D M E R G N P E W A C A S G P M 552  
 TCC TGG AAG CAG GAC ATG GAG CGG GGG AAC CCA GAG TGG GCA TGT GCC AGT GGC CCC ATG 1687  
  
 S R S L R P Q S R P Q I I K E V L A V P 572  
 AGC AGG AGC CTT CGG CCT CAG AGC CGC CGC CCG CAA ATC ATT AAA GAA GTC CTC GCT GTC CCC 1747  
  
 N S I L E L P C P H L S A L A S Y Y W S 592  
 AAC TCC ATC CTG GAG CTC CCC TGC TCA GGC TCT TGT GCC TCT TAT TAT TAT TGG AGT 1807  
  
 H G P A A V P E A S S T V Y N G S L L L 612  
 CAT GGC CCA GCA GCA GTC CCA GAA GGC TCT TCC ACT GTC TAC AAT GGC TCC CTC TTG CTG 1867  
  
 I V Q D G V G G L Y Q C W A T E N G F S 632  
 ATA GTG CAG GAT GGA GTT GGG GGT CTC TAC CAG TGC TGG GCA ACT GAG AAT GGC TTT TCA 1927  
  
 Y P V I S Y W V D S Q D Q T L A L D P E 652  
 TAC CCT GTG ATC TCC TAC TGG GTG GAC GAC CAG AGC AGC ACC CTG GCC CTG GAT CCT GAA 1987  
  
 L A G I P R E H V K V P L T R V S G G A 672  
 CTG GCA GGC ATC CCC CGG GAG CAT GTG AAG GTC CCG TGG ACC AGG GTC AGT GGT GGC GCC 2047  
  
 A L A A Q Q S Y W P H F V T V T V L F A 692  
 GCC CTG GCT GCC CAG CAG TCC TAC TGG CCC CAC TTT GTC ACT GTC CTC TTT GCC 2107  
  
 L V L S G A L I I L V A S P L R A L R A 712  
 TTA GTG CTT TCA GGA GCC CTC ATC ATC CTC GTG GCC TCC CCA TTG AGA GCA CTC CGG GCT 2167

Fig. 3D



**Fig. 3E**

Hum.	10	20	30	40	50	60	70
	MALPALGLDPSWLLGLFLFQLQLLLP	TTAGGGGQGP	MRVRYAGDERRALSFFHQKGLQDFDTLLS				
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	10	20	30	40	50	60	70
	MALPSLGQDSWSLLRVFFQLFLPLSLPPASGTGGQGP	MRVKYHAGDGHRALESFFQOKGLRDFDTLLS					
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Hum.	80	90	100	110	120	130	140
	GDGNTLYVGAREAILALDIQDPGVPRLKNMIPWPASDRKKSECAFKKSNETQCFNFIRVLVSYNVTHLY						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	80	90	100	110	120	130	140
	DDGNTLYVGARETVLALNIQNPGIPRLKNMIPWPASERKKTECAFKKSNETQCFNFIRVLVSYNATHLY						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Hum.	150	160	170	180	190	200	210
	TCGTFAFSPACTFIELQDSYLLPISEDKVMEKGQSPFDP	PAHKHTAVLVDGMLYSGTMN	FLGSEPI	LMR			
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	150	160	170	180	190	200	210
	ACGTFAFSPACTFIELQDSLLLPILIDKVMGKGQSP	LTFTSTQAVLVDGMLYSGTMN	FLGSEPI	LMR			
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Hum.	220	230	240	250	260	270	280
	TLGSQPVLTNDNFLRWLHHDASFVA	AIPTQVVYFFFEETASE	FDFFERLH	TSRVARVCKNDVG	GEKLLQ		
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	220	230	240	250	260	270	280
	TLGSHPVLTNDIFLRWLHADASFVA	AIPTQVVYFFFEETASE	FDFFEE	LYISRVAQVCKNDVG	GEKLLQ		
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Fig. 3F

	290	300	310	320	330	340	350
Hum.	KKWTTFLKAQLLCTQPGQLPFNVIRHAVLLPADSPTAPHIYAVFTSQWQVGGTRSSAVCAFSLLDIERVF						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	KKWTTFLKAQLLCAQPGQLPFNIIRHAVLLPADSPSVSRIYAVFTSQWQVGGTRSSAVCAFSILTDIERVF						
	290	300	310	320	330	340	350
Hum.	360	370	380	390	400	410	420
	KGKYKELNKETSRWTTYRGPETNPRPGSCSVGPSSDKALTFMKDHFLMDEQVVGTPLLVKSGVEYTRLAV						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	KGKYKELNKETSRWTTYRGSEVSPRPGSCSMGPPSSDKALTFMKDHFLMDEHVVGTPPLLVKSGVEYTRLAV						
	360	370	380	390	400	410	420
Hum.	430	440	450	460	470	480	490
	ETAQGGLDGSHLVMYLGTTTGS LHKAVVSGDSSAHLVEEIQLFDPPEPVRNLQLAPTQGA VFGFSGGVW						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	ESARGLDGSSHVMYLGTTSTGPLHKA VVPQDSSAYLVEEIQLSPDSEPVRNLQLAPAQGA VFAGFSGGIW						
	430	440	450	460	470	480	490
Hum.	500	510	520	530	540	550	560
	RVPFRANCSVYESCVDCVLARDPHCAWDPE SRTCCLLSAPNLSWKQDMERGNPEWACASGPM SRSILRPQS						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	RVPFRANCSVYESCVDCVLARDPHCAWDPE SRLCSLLSGST-KPW KQDMERGNPEWVCTRGPMA RSPPRRQS						
	500	510	520	530	540	550	

**Fig. 3G**

Hum.	570	580	590	600	610	620	630
	RPQIIKEVLAVPNSILELPCPHLSALASYWWSHGPAAVPEASSTVYNGSLLLIIVQDVGGLYQCWATENG						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	560	570	580	590	600	610	620
	PPQLIKEVLTVPNSILELRCPHLSALASYWWSHGRAKISEASATVYNGSLLLLPQDVGGLYQCVATENG						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Hum.	640	650	660	670	680	690	700
	FSYPVISYWVDSQDQTLALDPELAGIPREHVKVPLTRVSGGAALAAQQSYWPHFVTVTLFALVLSGALI						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	630	640	650	660	670	680	690
	YSYPVVSYWVDSQDQPLALDPELAGVPRERVQVPLTRVGGASMAAQRSYWPHFLLIVTLLAIVLLGVLT						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Hum.	710	720	730	740	750	760	
	ILVASPLRALRARGKVQGCETLRPGEKAPLSREQHLQSPKECRTSASDVEDADNNCCLGTEVA						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
Mur.	700	710	720	730	740	750	760
	LLASPLGALRARGKVQCGMPLPPREKAPLSRDQHLQPSKDHRTSASDVEDADNHHLGAEVA						
	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Fig. 3H

53 / 95

```
Hum.  GTCG-AC-CC-----ACG-----CGTCCGGT-----CTGTGGCTGAGCATGGC
      : : : :
Mur.  CTCGACGCCCTGGGTTAGGGTCTGTACTGCTGGGGAACCATCTGGTGACCATCTCAGGCTGACCATGGC
      : : : :
      10    20    30    40    50    60    70

Hum.  CCTCCCAGCCCTGGGCCCTGGACCCCTGGAGCCCTCCTGGGCCCTTTTCCTCTTCCAACTGCTTC-AGCTGCT
      : : : :
Mur.  CCTACCATCCCTGGGCCAGGACTCATGGAGTCTCCTGCGTGTTTTTTCTTCCAACT-CTTCCTGCTGCC
      : : : :
      80    90    100   110   120   130

Hum.  GCTGCCGACGACGACCGCGGGGAGCGGGGCGAGGGGCCCATGCCCAGGGTCAGATACATATGCAGGGGAT
      : : : :
Mur.  ATCACTGCCACCTGCTTCTGTGGACTGTGTGTCAGGGGCCCATGCCCAGAGTCAAATACCATGCTGGAGAC
      : : : :
      140   150   160   170   180   190   200

Hum.  GAACGTAGGGCACTTAGCTTCTTCCACCAGAGGGCCTCCAGGATTTTGACACTCTGCTCCTGAGTGTG
      : : : :
Mur.  GGGCACAGGGCCCTCAGCTTCTTCCAAACAAAAGGCCCTCCGAGACTTTTGACACGCTGCTCCTGAGTGACG
      : : : :
      210   220   230   240   250   260   270
```

Fig. 3I

Hum. ATGGAATACTCTACGTGGGGCTCGAGAAGCCATTCTGGCCTTGGATATCCAGGATCCAGGGGTCCC 250 260 270 280 290 300 310

Mur. ATGGCAACACTCTCTATGTGGGGCTCGAGAGACCGTCTGGCCTTGAATATCCAGAACCAGGAATCCC 280 290 300 310 320 330 340

Hum. CAGGCTAAAGAACATGATACCGTGGCCAGCCAGTGACAGAAAAAGAGTGAATGTGCCTTTAAGAAGAAG 320 330 340 350 360 370 380

Mur. AAGGCTAAAGAACATGATACCCCTGGCCAGCCAGTGAGAGAAAAAGACCCGAATGTGCCTTTAAGAAGAAG 350 360 370 380 390 400 410

Hum. AGCAATGAGACACAGTGTTTCAACTTCACTCCGTGTCCTGGTTTCTTACAATGTCACCCCATCTACACCT 390 400 410 420 430 440 450

Mur. AGCAATGAGACACAGTGTTTCAACTTCACTCCGTGTCCTTACAATGCTACTCACCTCTATGCCT 420 430 440 450 460 470 480

Hum. GCGGCACCTTCGCCCTTCAGCCCTTGCTTGTAACCTTCATTGAACCTCAAGATTCCCTACCTGTGCCCCATCTC 460 470 480 490 500 510 520

Mur. GTGGGACCTTTGGCCTTCAGCCCTTGCCCTGTACCTTCATTGAACCTCCAAGATTCCCTGTGCCCCATCTT 490 500 510 520 530 540 550

Fig. 3J

**Fig. 3K**

[illegible]

**Fig. 3L**



Hum.	GGGAAATACAAAGAGTTGAACAAAGAAACTTCACGCTGGACTACTTATAGGGCCCTGAGACCAACCCCC	1090	1100	1110	1120	1130	1140	1150
	:::::::::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: ::::::::::							
Mur.	GGGAAGTACAAGGAGCTGAACAAGGAGACCTCCCGCTGGACCACTTACCGGGCTCAGAGGTCAGCCCGA	1120	1130	1140	1150	1160	1170	1180
Hum.	GGCCAGGCAGTTGCTCAGTGGGCCCCCTCCTCTGATAAGGCCCTGACCTTCATGAAGGACCATTTCTTGAT	1160	1170	1180	1190	1200	1210	1220
	:::::::::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: ::::::::::							
Mur.	GGCCAGGCAGTTGCTCCATGGGCCCCCTCCTCTGACAAAGCCCTTGACCTTCATGAAGGACCATTTTCTGAT	1190	1200	1210	1220	1230	1240	1250
Hum.	GGATGAGCAAGTGTGGGACGCCCTGCTGCTGTAATCTGGCTGGAGTATACACGGCTTGCAAGTGGAG	1230	1240	1250	1260	1270	1280	1290
	:::::::::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: ::::::::::							
Mur.	GGATGAGCACGTGTAGGAACACCCCTGCTGCTGTAAGTCTGGTGGAGTACACACGGCTTGCTGTGGAG	1260	1270	1280	1290	1300	1310	1320
Hum.	ACAGCCCAGGGCCTTGATGGGCACAGCCATCTTGTCAATGTACCTGGGAACCAACACAGGGTCGCTCCACA	1300	1310	1320	1330	1340	1350	1360
	:::::::::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: :::::::::: ::::::::::							
Mur.	TCAGCTCGGGCCTTGATGGGAGCAGCCATGTGGTCATGTATCTGGGTACCTCCACGGGTCCCTGCACA	1330	1340	1350	1360	1370	1380	1390

**Fig. 3M**

```

1370      1380      1390      1400      1410      1420      1430
Hum. AGGCTGTGGTAAGTGGGACAGCAGTGCTCATCTGGTGGAGAGATTTCAGCTGTTCCCTGACCCCTGAACC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
Mur. AGGCTGTGGTGCCTCAGGACAGCAGTGCTTATCTCGTGGAGGAGATTTCAGCTGAGCCCTGACTCTGAGCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1440      1450      1460      1470      1480      1490      1500
Hum. TGTTCCGCAACCTGCAGCTGGCCCCACCCAGGTGCAGTGTTGTAGGCTTCTCAGGAGGTGCTGGAGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1470      1480      1490      1500      1510      1520      1530
Mur. TGTTCCGAAACCTGCAGCTGGCCCCCGCCAGGTGCAGTGTTGCAGGCTTCTCTGGAGGCACTCTGGAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1510      1520      1530      1540      1550      1560      1570
Hum. GTGCCCCGAGCCAACTGTAGTGTCTATGAGAGCTGTGTGGACTGTGTCTTGCCTTGCCCCGGGACCCCACTGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1540      1550      1560      1570      1580      1590      1600
Mur. GTTCCCAGGGCCAAATTGCAGTGTCTACGAGAGCTGTGTGGACTGTGTGCTTGCCAGGGACCCCTCACTGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1580      1590      1600      1610      1620      1630      1640
Hum. CCTGGGACCCCTGAGTCCCGAACCTGTTGCCCTCCTGTCTGCCCCCAACCTGAACCTCCTGGAAGCAGGACAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1610      1620      1630      1640      1650      1660      1670
Mur. CCTGGGACCCCTGAATCAAGACTCTGCAGCCCTTCTGTCTGGCTC-TACCAAGCCT--TGGAAGCAGGACAT

```

Fig. 3N

	1650	1660	1670	1680	1690	1700	1710
Hum.	GGAGCGGGGAACCCAGAGTGGGCATGTGCCAGTGGCCCCCATGAGCAGGAGCCTTCGGCCTCAGAGCCGCG						
	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :						
Mur.	GGAACGCGGCAACCCGGAGTGGGTATGCACCCGTGGCCCCCATGGCCAGGAGCCCCCGCGTCAGAGCCCCC						
	1680	1690	1700	1710	1720	1730	1740
Hum.	1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780
	CCGCAAATCATTAAGAAGTCCTGGCTGTCCCCAACTCCATCCTGGAGCTCCCCTGCCCCACCTGTCAG						
	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :						
Mur.	CCTCAACTAATTAAAGAAGTCCTGACAGTCCCCAACTCCATCCTGGAGCTGCGTGCCCCCACCTGTCAG						
	1750	1760	1770	1780	1790	1800	1810
Hum.	1790	1800	1810	1820	1830	1840	1850
	CCTTGGCCTCTTATTATTGGAGTCATGGCCCAGCAGCAGTCCAGAAGCCTCTTCCACTGTCTACAATGG						
	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :						
Mur.	CAC TGGCCTCTTACC ACTGGAGTCATGCGCGAGCCAAAATCTCAG AAGCCTCTGCTACCGTCTACAATGG						
	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880
Hum.	1860	1870	1880	1890	1900	1910	1920
	CTCCCTCTTGCTGATAGTGCAGGATGGAGTTGGGGGTCTCTACCAGTGTGGGCAACTGAGAAATGGCTTT						
	: : : : : : : : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :						
Mur.	CTCCCTCTTGCTGCTGCCG CAGGATGGTGTCTGGGGGCCCTCTACCAGTGTGTGGCGACTGAGAACGGCTAC						
	1890	1900	1910	1920	1930	1940	1950

	1930	1940	1950	1960	1970	1980	1990
Hum.	TCATACCCCTGTGATCTCCTACTGGGTGGACAGCCAGACACCCCTGGCCCTGGATCCTGAAC	1990					
	GGCAG						
	TCATACCCCTGTGGTCTCCTATTGGGTAGACAGCCAGACAGCCCTGGCGCTGGACCCCTGAGCTGGCGG	2000					
	GGCAG						
	GCATCCCCCGGAGCATGTGAAGGTCCCGTTGACCAAGGTCAGTGGTGGGCGGCCCTGGCTGCC	2010					
	CAGCA						
	CGGTTCCCCCGTGAGCGGTGTCAGGTCCCGCTGACCAAGGTCGGAGCGGAGCTTCCATGGCTGCC	2020					
	CAGCG						
	GTCCCTACTGGCCCCCATTTTCTCATCGTTACCGTCCTCCTGGCCATCGTGCTCCTGGGAGTGCTCACTCTC	2030					
	CTC						
	CTCGTGGCCCTCCCCCATTGAGAGCACTCCGGGCTCGGGGCAAGGTCAGGGCTGTGAGACCC	2040					
	CTG						
	CTCCTCGCTTCCCCCACTGGGGCGCTGCGGGCTCGGGGTAAGGTTACGGGCTGTGGGATGCTGCC	2050					
	CCCCCA						

Fig. 3P

	2210	2220	2230	2240	2250	2260	2270	
Hum.	GGGAGAA	GCCCCCGTTAAGCAGAGACGAACACCTCCAGTCTCCCAAGGAATGCAGGACCTCTGCCAGTGA						
	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	
Mur.	GGGAAAAGGCTCCACTGAGCAGGGACCAGCACCTCCAGCCCCTCCAAGGACCAACAGGACCTCTGCCAGTGA							
	2240	2250	2260	2270	2280	2290	2300	
	2280	2290	2300	2310	2320	2330	2340	
Hum.	TGTGGACGCTGACAACAACCTGCCTAGGCACCTGAGGTAGCTTAACTCTAGGCACAGG-CCGGGGCTG--C							
	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	
Mur.	CGTAGATGCCGACAAACCATCTGGGCGCCGAAGTGCTTAACA-GGGACACAGATCCGCAGCTGAGC							
	2310	2320	2330	2340	2350	2360	2370	
	2350	2360	2370	2380	2390	2400	2410	
Hum.	GGTGCAGGCACCTGGCCATGCTGGCTGGCGGCCCAAGCACAGCCCTGACTAGGATGACAGCAGCACAAA							
	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	
Mur.	AGAGCAAAGCCACTGGCCTTGTGGCTATGC---CAGGCACAG-----TGCCACTCT--							
	2380	2390	2400	2410	2420			
	2420	2430	2440	2450	2460	2470	2480	
Hum.	AGACCACCTTTCTCCCCCTGAGAGGAGCTTCTGTACTCTGCATCACTGATGACACTCAGCAGGGTGATGC							
	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	: : : : :	
Mur.	-GACCA-----GGGTAGGAG--GCT-CT-C-CTGCTA-ACGTGTGTCACTACAG-----C							
	2430	2440	2450	2460	2470	2480		

**Fig. 3Q**

62 / 95

```

2490      2500      2510      2520      2530      2540      2550
Hum. ACAGCAGTCTG-CCTCCCCCTATGGGACTCCCTTCTACCAAGCACATGAGCTCTCTAACAGGGTGGGGGCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur. ACC-CAGTAGGTCCTCCCTGTGGGACTCTCTTCTGC-AAGCACATT-----GGGCT
      2470      2480      2490      2500      2510

      2560      2570      2580      2590      2600      2610
Hum. ACCCCCAGACCTGCTCCTACACTGATA-TTGAAGAACCTGGAGAGGATCCTTCAGTTCTGGCCATTCCAG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur. GTCCTCCATACCTGTACTTGTGCTGTGACAGGAAGAGCCAGAC-AGGTTTCTTTGATTTTGATTGACCCAA
      2520      2530      2540      2550      2560      2570      2580

      2620      2630      2640      2650      2660      2670      2680
Hum. GGACCCCT-CCAGAAACACA-GTGTTTCAAGAGATCCTAAAAAACCTGCCCTGTCCCAGGACCCCTATGGTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur. GAGCCCTGCCCTGTAAACAAACGTGCTCCAGGAGA-CCATGAAAGGTGTGGCTGTCT-GGGATTCTGTGGTG
      2590      2600      2610      2620      2630      2640      2650

      2690      2700      2710      2720      2730      2740      2750
Hum. ATGAACACCAACATCTAAACAATCATATGCTAA-CATGC---CAC--TCCTGGAAACT-CCACTCTGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur. ACAAAC-CTAAGCATCCGAGCAAGCTGGGGCTATTCTCTGCAAACTCCATCCCTGAACGCTGTCACTCTAGA
      2660      2670      2680      2690      2700      2710      2720
```

Fig. 3R

63 / 95

```
2760      2770      2780      2790      2800      2810
Hum.  ----GCTGCCGCTTTGGACACCAACTCCCTTCT-CCCAGG-GTCATGCAGGGATCTGCTCCCTCCTGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  AGCAGCTGCTGCTTTGAACACACGAGCCACCTCCTTCCCAAGAGTCTCTATGGAGTTGGC-CCCTTGTGT
2730      2740      2750      2760      2770      2780      2790

2820      2830      2840      2850      2860      2870      2880
Hum.  TTCCCTTACCAGTCGTGCACCGCTGACTCCAGGAAGTCTTTCCTGAAGTCTGACCACCTTCTCTCTTGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  TTCCCTTACCAGTCGGGCCATACCTGTTT--GGGAAGTCATCTCTGAAGTCTAACCACCTTCCCTTCTTGG
2800      2810      2820      2830      2840      2850

2890      2900      2910      2920      2930      2940      2950
Hum.  TTCAGTTGGGCAGACTCTGATCCCT--TCTGCCCTGGCAGAAATGGCAGGGTAATCTGAGCCCTTCTTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  TTCAGTTGGACAGATTGTTATTATTGCTCTCTGCCCTGGCTAGAAATGGGGCATAATCTGAGCCCTTGTTC
2860      2870      2880      2890      2900      2910      2920

2960      2970      2980      2990      3000      3010
Hum.  ACTCCCTTACCC--TAGCTGACCCCTTCACCTCTCCC--CCTCCCTTTTCCCTTTTGGGATTCAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  ---CCTTGTCAGTGTGGCTGACCC-TTGACCTCTTCCCTTCCCTCC--TCCCTTTGTTTGGGATTCAGA
2930      2940      2950      2960      2970      2980      2990
```

Fig. 3S

```

3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080
Hum.  AAAC TGCTGT CAGAGACTGTTTATTTTATTTAAATAATAAGGCTTAAAAAATAAAAAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Mur.  AAAC TGCTGT CAGAGACAATTTATTTTATTTTATTTAAATA-----AGATATAA
      3000      3010      3020                               3030

3090      3100
Hum.  AAAAAAAGGCGGCCGC

      . . . . .
Mur.  GCTTTAAAG-----
      3040

```

**Fig. 3T**



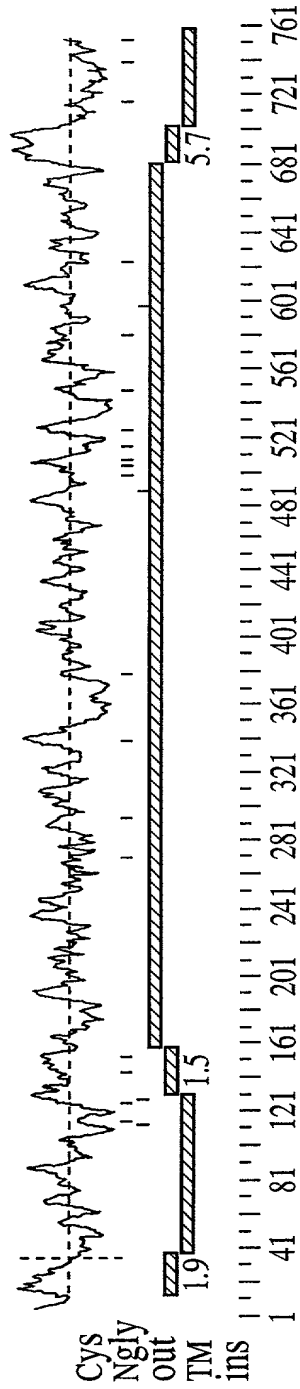


Fig. 3U

66 / 95

GTCGACCCACGCGTCCGCGGACGCGTGCGGACGGCTCCCGGCTGCAAGTCTGCCCCCGCCGCGCGGGGCGGAGTC	79	
GCGAAGCGCGCCTGCGACCCCGCGGCTCCCGGCGCGCTGGAGAGGACGCGAGGAGCC	ATG AGG CGC CAG CCT GCG	6
K V A A L L L G L L L E C T E A K K H C		26
AAG GTG GCG GCG CTG CTC GGG CTG CTC TTG GAG TGC ACA GAA GCC AAA AAG CAT TGC		212
W Y F E G L Y P T Y Y I C R S Y E D C C		46
TGG TAT TTC GAA GGA CTC TAT CCA ACC TAT TAT ATA TGC CGC TCC TAC GAG GAC TGC TGT		272
G S R C C V R A L S I Q R L W Y F W F L		66
GGC TCC AGG TGC TGT GTG CGG GCC CTC TCC ATA CAG AGG CTG TGC TGG TAC TTC TGC TTT CTT		332
L M M G V L F C C G A G G C GGC TTC TTC ATC CGG AGG CGC ATG TAC		392
P P P L I E E P A F N V S Y T R Q P P N		106
CCC CCG CCG CTG ATC GAG GAG CCA GCC TTC AAT GTG TCC TAC ACC AGG CAG CCC CCA AAT		452
P G P G A Q Q P G P P Y Y T D P G G P G		126
CCC GGC CCA GGA GCC CAG CAG CCG GGG CCG CCC TAT TAC ACT GAC CCA GGA GGA CCG GGG		512
M N P V G N S M A A M A F Q V P P N S P Q		146
ATG AAC CCT GTC GGG AAT TCC ATG GCA ATG GCT TTC CAG GTC CCA CCC AAC TCA CCC CAG		572

Fig. 4A

67 / 95

G S V A C P P P P A Y C N T P P P P Y E 166  
GGG AGT GTG GCC TGC CCG CCC CCT CCA GCC TAC TGC AAC ACG CCT CCG CCC CCG TAC GAA 632

Q V V K A K \*

CAG GTA GTG AAG GCC AAG TAG 173  
653

TGGGGTCCCCACGTGCAAGAGGAGAGACAGGAGAGGGCCCTTTCCCTGGCCCTTCTGTCTTCGTTGATGTTCACTTCCAG 732  
GAACGGTCTCGTGGCTGCTAAGGCGAGTTCCTCTGATATCCTACAGCAAGCACAGCTCTCTTTCAGGCTTTCATGG 811  
AGTACAAATATGAACCTCACACTTTGTCTCTCTGTTGTTCTGTACGCAGTCTGTGCTCTCACATGGTAGTGT 890  
GGTGACAGTCCCCGAGGGCTGACGTCTTACGGTGGCTGACCATCTACAGGAGAGACTGAGAGGAAGAAGGCAG 969  
TGCTGGAGGTGCAGGTGGCATGTAGAGGGCCAGGCCAGCATCCAGGCAAGCATCCTTCTGCCCGGTAATAATAGG 1048  
AAGCCCCATGCCGGGGCTCAGCCGATGAAGCAGCAGCCGACTGAGCTGAGCCCCAGCAGGTCACTGTCTCCAGCCTGT 1127  
CCTCTCGTCAGCCTTCTCTCCAGAAAGCTGTTGGAGAGACATTCAGGAGAGCAAGCCCTTGTCTCATGTTCTGTCT 1206  
CTGTTCAATACCTAAAGATAGACTTCTCCTGCACCCGAGGAGGTAGCACGTGCAGCTCTCACCGCAGGATGGGGC 1285  
CTAGAAATCAGGCTTGCCCTTGAGGCTTGACAGTGATCTGACATCCACTAAGCAAAATTTAATTAATTCATGGGAAATCA 1364  
CTTCCCTGCCCAACTGAGACATTCGCAATTTGTGAGCTCTTGCTGATTTGGAGAAAGGACTGTTACCCATTTTTTG 1443  
GTGTGTTTATGGAAGTGCATGTAGAGCGTCTGCCCCCTTGAAATCAGACTGGGTGTGTCTTCCCTGGACATCACTGC 1522  
CTCTCCAGGCATTCTCAGGCCCGGGGTCTCCCTCAGGCAGCTCCAGTGGTGGTCTGAAAGGTGCTTTCAAA 1601  
ACGGGGCACATCTGGCTGGGAAGTCACATGGACTCTTCCAGGGAGAGACCCAGCTGAGGCGTCTCTCTGAGGTGT 1680  
GTTGGGTCTAAGCGGGTGTGTGCTGGCTCCAAGGAGGAGAGCTTGTGGGAAAGACAGGAGAACTACTGACTCAAC 1759  
TGCACTGACCATGTTGTCATAATTAGAAATAAAGAAAGAGTGGTCGGAAATGCACATTCCTGGATAGGAATCACAGCTCA 1838  
CCCCAGGATCTCACAGGTAGTCTCCTGAGTAGTACGGCTAGCGGGGAGCTAGTTCGCCCGCATAGTTATAGTGTGA 1917  
TGTGTGAACGCTGACCTGTCTGTGTCTAAGAGCTATGCAGCTTAGCTGAGCGGCTAGATTACTAGATGTGCTGTAT 1996  
CACGGGGAATGAGGTGGGGTGCTTATTTTTTAATGAACATAATCAGAGCCCTCTTGAGAAATTTGTACTCATTTGAACCTGG 2075  
AGCATCAAGACATCTCATGGAAGTGATACGGAGTGATTTGGTGTCCATGCTTTTCACTCTGAGGACATTTAATCGGAG 2154

Fig. 4B

68 / 95

AACCTCCTGGGAATTTGTGGAGACACTTGGGAACAAAACAGACACCCCTGGGAATGCAGTTGCAAGCACAGATGCTG 2233  
 CCACCAGTGTCTCTGACCACCCCTGGTGTGACTGCTGACTGCCAGCGTGGTACCTCCCATGCTGCAGGCCCTCCATCTAAA 2312  
 TGAGACAAACAAGCACAAATGTTCACTGTTTACAACCAAGACAACTGCGTGGTCCAAACACTCCTCTTCTCCAGGTCA 2391  
 TTTGTTTGGCAATTTTAAATGCTCTTATTTTGTAAATGAAAAAGCACACTAAGCTGCCCTGGAATCGGGTGCAGCTGA 2470  
 ATAGGCACCCAAAAGTCCGTGACTAAATTTTCGTTTGTCTTTTGTATAGCAAAATATGTTAAGAGACAGTGGCTAGG 2549  
 GCTCAACAATTTGTATTCCTCATGTTGTGTGAGACAGAGTTTGTTCCTTGAACCTTGGTTAGAAATTTGCTACTGT 2628  
 GAACGCTGATCCTGCATATGGAAGTCCCACTTTGGTGACATTTCTTGGCCATTCTTGTTCATTTGTGGATGGTGGG 2707  
 TTGTGCCCACTTCCCTGGAGTGAGACAGCTCCTGTGTGTAGAAATTCCTGGAGCGTCCGTGGTTCAGAGTAAACTTGAAG 2786  
 CAGATCTGTGCATGCTTTTCCCTCTGCAACAATTTGGCTCGTTTCTCTTTTGTCTCTTTTGTATAGGATCCTGTTTCTT 2865  
 ATGTGTGCAAAATAAAAATAAATTTGGGCAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAA 2944  
 AAAAAAAGGGCGCGC 2964

Fig. 4C

GTCGACCCACGCTCCGGCCGCGGCTCCTTCTGCGCGCTTCAGCTCGTATCCCCGGAGTCCACCCGCCCGTCCCGGGGT 79  
 M G R R L 5  
 GCGGACTGGCCCTGAGCTGGCCGTACAGCCCGGCTTCGGACGGTCCCTCGCTGGAGCC ATG GGC CGC CGG CTC 151  
 G R V A A L L L G L L L V E C T E A K K H 25  
 GGC AGG GTG GCG GCG CTG CTG CTC GGG CTG CTA GTG GAG TGC ACT GAG GCC AAA AAA CAT 211

Fig. 4D

69 / 95

C	W	Y	F	E	G	L	Y	P	T	Y	Y	I	C	R	S	Y	E	D	C	45
TGC	TGG	TAT	TTT	GAA	GGA	CTC	TAT	CCC	ACA	TAC	TAT	ATA	TGC	CGT	TCC	TAT	GAA	GAC	TGC	271
C	G	S	R	C	C	V	R	A	L	S	I	Q	R	L	W	Y	F	W	F	65
TGT	GGC	TCC	AGG	TGC	TGT	GTG	AGG	GCC	CTT	TCC	ATA	CAG	AGG	CTG	TGG	TAT	TTT	TGG	TTC	331
L	L	M	M	G	V	L	F	C	C	G	A	G	F	F	I	R	R	R	M	85
CTG	CTG	ATG	ATG	GGT	GTG	CTG	TTC	TGC	TGT	GGT	GCC	GGT	TTC	TTC	ATT	CGC	CGG	CGC	ATG	391
Y	P	P	P	L	I	E	E	P	T	F	N	V	S	Y	T	R	Q	P	P	105
TAT	CCG	CCA	CCA	CTC	ATT	GAG	GAG	CCC	ACA	TTC	AAT	GTG	TCC	TAT	ACC	AGG	CAG	CCA	CCA	451
N	P	A	P	G	A	Q	Q	M	G	P	P	Y	Y	T	D	P	G	G	P	125
AAT	CCT	GCT	CCA	GGA	GCA	GAG	CAG	CAA	ATG	GGA	CCG	CCA	TAT	TAC	ACC	GAC	CCT	GGA	GGA	511
G	M	N	P	V	G	N	T	M	A	M	A	F	Q	V	Q	P	N	S	P	145
GGG	ATG	AAT	CCT	GTT	GGC	AAT	ACC	ATG	GCT	ATG	GCT	TTC	CAG	GTC	CAG	CCC	AAT	TCA	CCT	571
H	G	G	T	T	Y	P	P	P	P	S	Y	C	N	T	P	P	P	P	Y	165
CAC	GGA	GGC	ACA	ACT	TAC	CCA	CCC	CCT	CCT	TCC	TAC	TGC	AAC	ACG	CCT	CCA	CCC	CCC	TAT	631
E	Q	V	V	K	D	K	*													173
GAA	CAG	GTG	GTG	AAG	GAC	AAG	TAG													655
CAAGATGCTACATCAAAGGCAAGAGGATGGACAGGCCCTTTTGTACCTTCCCATCCTCACCAGATCTTGCTGATAG																				734

Fig. 4E

70 / 95

GGTGGTCCAAGGGAAAACTTGGATATTCTCAAAGCAAGCCAGCTCTCTTTCAAGTCTTTTGTGGAGGACATTTGAATC 813  
CACACTGTCTCCTCTGTGCTTCTGTAGTCTGTGCTCTCTGAGAGAGTGTGGCAACAGTCCCTGAGGGTT 892  
GATATTCTAGGGTGTCCAGGGTAGATCCTCGGAGAGAGGCTAAGGGAAAGGAAGCATAGCCTGTGTGTAGGGG 971  
CAGATAAAGTGGTCAGGCTGAGATAAGACTCACATGATGCAGTAGTTGGCAGTGAACCTTCGAAGAGACACTATCCACCA 1050  
TCCCAGCCCATTTCTCCTAATAAGAGCTGTGGGGCTGTGTTGTTGATGCTCTTTGGTCTCCACTCACATTTTGAAAAATAG 1129  
GCTTTCCTCTGCAGGAATAGGAAAGACCCAAAGTACATATTGCTTCCACTTAAAAATGAGGGTCAGAACCCAGGCCCTCAG 1208  
TTGGACATCTATAGTTAAATAAAGGCCATTAGAGAGGGGAAATCTTTAAGTTAGGGGAAATTTCTCTAAATGGAGACATT 1287  
GCGTTTATGAATCATCGTCTGGCTTTTCTTTAGTGCATGTATTGAAGTGAGGGTGTCTTTGAGATCAGATGGGGAG 1366  
AGTGAACCTCTGCGGGGGTGGGTGTCTCTACTCAGAGGGCTCCAACACCCCTTTTCTTAGGTAGTTCTGTGTGATGGGTT 1445  
TTATGGGCACTATAGAGCTGAGGGGCACATTAGCCCGGTAGTTACATTTGACCCCTTGGAGAGGAAGAGACAGCCAAAG 1524  
AAACTCAGCAAAGCAAGACCAGCATTTGCTGAGTTAGAGCTAGGGTTGTATGTGATCCCAACAGAGATGTGCTGGCCTCA 1603  
GAAGAGGGACGTTTGTGGATAGAGCCGTGAAAACCTACTTAGTTGCACAGATGACATAATCAAAAAGTAGAGAAAAAG 1682  
TGTAGTTAGAGATGCCATTTCCAGGTGAGAAATCAGAGCTCATCCATAGATTACAAAGTAGTGGCTGGAGTTAACAGTA 1761  
TGGAGTTCTTTTCCCTTGGGTAGTTAGTCACGTTGATGTGATTTAAACCCAGGTTGAGACCTTGTGTACTAAGAGCAA 1840  
GGAAGTATAGCTAAGATGCTAGATTATTTATATGATGATGTTGGGAGTGGGCTGCAAGGAAGGGGCTGACATTG 1919  
TAAATGAGAAAAATCAGAGCCATTTGATAAACTGTTACTTGTGGATCAGGCATCCAAAAGTGTCTCTTTGAGTGGACATT 1998  
GAGTATTCTTTACCACCTACAAGACCAGGAGGCATGGTGTCTCTCCATTGGGGTATTTATATGAGGTAGAGGTTTCAG 2077  
GAATCGACAGTAGTGTGGGCTTAGTTTAAGGACTGAAAGCATAGGGACTGGTAGACAGTTTCAATAGGAAACTGCGG 2156  
GGAAGGAATGGATACCTTTAAAGACAGTTTGTGGATGCAGATGCTGCCACCCCATCATTTGAGCACCCCTTGTGTCTCTGGC 2235  
TTCCTGTCACTGGATCCAGTACCCCTCCATGCTTGGTCCCTTGTTTACATAAGACAAACAAAGCACAAATGTCTGTGTT 2314  
TACAAATCAAGACGACTACATGGTCCAAACATTTCTCTCTCTTCTATCAGTTGTGGCTTTAACTTCCATTTCTCTCCGTT 2393  
CCTTTTAAATCAAGAAGCACAGTCAGAGCTGCCCTGGGATTGCATCAGGGAACGGCTGATCAAGGCATTCAGTGTG 2472  
CATGACTAAATCTTATCTTTTGTATAGCAAAATCCTTTTAAAGAACTGAACAAATGCTAAGGCTCAGCAATTTTATACTC 2551  
CAATGTCTGTGAAGGTAAATTTTGTGTTGCCATTGAGCCCCACATTTGGAATTCCTTCTGACGTCAACACTGACAAATGCCT 2630  
ATGGAATTCGACTTCTGGGTATATGTCCCAGCATCCTTGTCTTATGTTTGGTGAAGTAAAGCTCACCCCTTCCAGC 2709

Fig. 4F

AGCTCTACTTCTGTGCTGAGGTCCTGTAGAGCCGGGCTTGGGCACAGACATGAGCAGACTTGTGCATGCTCTTTC 2788  
TTGGCAACACTTGGCTCATATTTCTTCTCTTTGATAGAGTCCTGTTTCCCTATGTATTTAAAAATAATAAAGTG 2867  
AATTAGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGCGGCCGC 2915

Fig. 4G

	10	20	30	40	50	60	70
Hum.	MRRQPAKVAALLLGLL	ECTEAKKHCWYFEG	LYPTYICRSYEDCC	GSRC	CVRALSIQRLWYFW	FLMMG	
	:	:	:	:	:	:	:
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	MGRRLGRVAALLLGLL	VECTEAKKHCWYFEG	LYPTYICRSYEDCC	GSRC	CVRALSIQRLWYFW	FLMMG	
	10	20	30	40	50	60	70
	80	90	100	110	120	130	140
Hum.	VLFCGAGFFIRRMYP	PLIEEPAFNVS	YTRQPPNPGGAQ	QPGPPYYTD	PGGMN	PVGN	MAMAFQV
	:	:	:	:	:	:	:
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	VLFCGAGFFIRRMYP	PLIEEPTFNVS	YTRQPPNPAPGAQ	QMGPPYYTD	PGGMN	PVGN	TMAMAFQV
	80	90	100	110	120	130	140
	150	160	170				
Hum.	PPNSPQGSVACPP	PPPAYC	NTPPPPYE	QVVKAK			
	:	:	:	:	:	:	:
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	QPNSPHGGTTY	PPPPSYC	NTPPPPYE	QVVKDK			
	150	160	170				

Fig. 4H

72 / 95

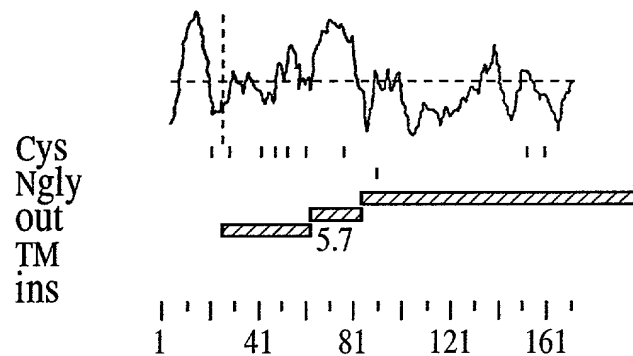


Fig. 4I

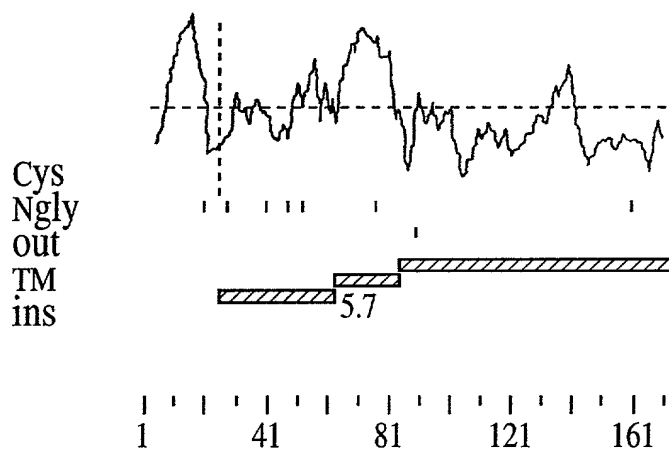


Fig. 4J



73 / 95

GTCGACCCACGCGTCCGACGCTTTGGACACTTCCCTCTGCTTGAGGACACCTTGACTAACCTCCAAGGGCAACTAAAGGA	79
TCAAGAAAGGCCACGACAGCAGAGAAGATCAGCTGGATCTAGCTCCTGCAGGAG ATG TGT ACA AAG ACA ATC	6 150
P V L W G C F L L L W N L Y V S S S Q T I	26
CCA GTC CTC TGG GGA TGT TTC CTC CTC CTG TGG AAT CTC TAT GTC TCA TCC TCT CAG ACC ATT	210
Y P G I K A R I T Q R A L D Y G V Q A G	46
TAC CCT GGA ATC AAG GCA AGG ATT ACT CAG AGG GCA CTT GAC TAT GGT GTT CAA GCT GGA	270
M K M I E Q M L K E K K AAG AAG AAA GAA GAA CCA GAT TTA AGC GGT TCT GAG	66 330
ATG AAG ATG ATT GAG CAA ATG ATG CTA AAA GAA GAA CCA GAT TTA AGC GGT TCT GAG	
S L E F L K V D Y V N Y N F S N I K I S	86
TCT CTT GAA TTT CTA AAA GTT GAT TAT GTA AAC TAC AAT TTT TCA AAT ATA AAA ATC AGT	390
A F S F P N T S L A F V P G V G I K A L	106
GCC TTT TCA TTT CCA AAT ACC TCA TTG GCT TTT GTG CCT GGA GTG GGA ATC AAA GCG CTA	450
T N H G T A N I S T D W G F E S P L F V	126
ACC AAC CAT GGC ACT GCC AAC ATC AGC ACA GAC TGG GGG TTC GAG TCT CCA CTT TTT GTT	510
L Y N S F A E P M E K P I L K N L N E M	146
CTG TAT AAC TCC TTT GCT GAG CCC ATG GAG AAA CCC ATT TTA AAG AAC TTA AAT GAA ATG	570

Fig. 5A

74 / 95

```

L   C   P   I   I   A   S   E   V   K   A   L   N   A   N   L   S   T   L   E   166
CTC TGT CCC ATT ATT GCA AGT GAA GTC AAA GCG CTA AAT GCC AAC CTC AGC ACA CTG GAG 630

V   L   T   K   I   D   N   Y   T   L   L   D   Y   S   L   I   S   S   P   E   186
GTT TTA ACC AAG ATT GAC AAC TAC ACT CTG CTG GAT TAC TCC CTA ATC AGT TCT CCA GAA 690

I   T   E   N   Y   L   D   L   N   L   K   G   V   F   Y   P   L   E   N   L   206
ATT ACT GAG AAC TAC CTT GAC CTG AAC TTG AAG GGT GTA TTC TAC CCA CTG GAA AAC CTC 750

T   D   P   P   F   S   P   V   P   F   V   L   P   E   R   S   N   S   M   L   226
ACC GAC CCC CCC TTC TCA CCA GGT CCT TTT GTG CTC CCA GAA CGC AGC AAC TCC ATG CTC 810

Y   I   G   I   A   E   Y   F   F   K   S   A   S   F   A   H   F   T   A   G   246
TAC ATT GGA ATC GCC GAG TAT TTC TTT AAA TCT GCG TCC TTT GCT CAT TTC ACA GCT GGG 870

V   F   N   L   T   L   S   T   E   I   S   N   H   F   V   Q   N   S   Q   266
GTT TTC AAT CTC ACT CTC TCC ACC GAA GAG ATT TCC AAC CAT TTT GTT CAA AAC TCT CAA 930

G   L   G   N   V   L   S   R   I   A   E   I   Y   I   L   S   Q   P   F   M   286
GGC CTT GGC AAC GTG CTC TCC CGG ATT GCA GAG ATC TAC ATC TTG TCC CAG CCC TTC ATG 990

V   R   I   M   A   T   E   P   P   I   I   N   L   Q   P   G   N   F   T   L   306
GTG AGG ATC ATG GCC ACA GAG CCT CCC ATA ATC AAT CTA CAA CCA GGC AAT TTC ACC CTG 1050

D   I   P   A   S   I   M   M   L   T   Q   P   K   N   S   T   V   E   T   I   326
GAC ATC CCT GCC TCC ATC ATG ATG CTC ACC CAA CCC AAG AAC TCC ACA GTT GAA ACC ATC 1110

```

Fig. 5B

75 / 95

V S M D F V A S T S V G L V I L G Q R L 346  
GTT TCC ATG GAC TTC GTT GCT AGT ACC AGT GTT GGC CTG GTT ATT TTG GGA CAA AGA CTG 1170

V C S L S L N R F R L A L P E S N R S N 366  
GTC TGC TCC TTG TCT CTG AAC AGA TTC CGC CTT GCT TTG CCA GAG TCC AAT CGC AGC AAC 1230

I E V L R F E N I L S S I L H F G V L P 386  
ATT GAG GTC TTG AGG TTT GAA AAT ATT CTA TCG TCC ATT CTT CAC TTT GGA GTC CTC CCA 1290

L A N A K L Q Q G F P L P N P H K F L F 406  
CTG GCC AAT GCA AAA TTG CAG CAA GGA TTT CCT CTG CCC AAT CCA CAC AAA TTC TTA TTC 1350

V N S D I E V L E G F L L I S T D L K Y 426  
GTC AAT TCA GAT ATT GAA GTT CTT GAG GGT TTC CTT TTG ATT TCC ACC GAC CTG AAG TAT 1410

E T S S K Q Q P S F H V W E G L N L I S 446  
GAA ACA TCC TCA AAG CAG CAG CCA AGT TTC CAC GTA TGG GAA GGT CTG AAC CTG ATA AGC 1470

R Q W R G K S A P \* 456  
AGA CAG TGG AGG GGG AAG TCA GCC CCT TGA 1500

TTGCCGGTTTGCAATTCACCCCCAGGAAGTAAATGGTCCTTAATCCTACACTACTGTAAACCCAGAAAGGAAAGACAGT 1579  
ACACACTGGAATTGTAAAGCCCTTGTGAATTGCTTAGGCAGAAAGTTTCTTCTTAAGCCCTTCAGGAACCCAGAAATAA 1658  
GGCAGACTCTGTAAAGGGATAAATAGAGGTGTCTGAATGTGAGTGTATGCATGCTGCGTGTCTGTTTATGTTG 1737  
TTTGTTTGTGGGCAAGAAAGATTCTAGGACAAGAGCTAGGCATGTACTTCTGACCAGGTGGGTAAGCAACTCTAAG 1816

Fig. 5C

TCTGTATTGTATTGGTCATTCTCAGTGGAAATCCCTTAGGCCCTCTAGTGGTTTCCCTACCTGCATATTGGTTTC 1895  
ATGTTTATATTCACTGTTACTATCTTCTGTGTTTAAATTGTTTCTATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGC 1974  
GGCCGC 1980

Fig. 5D

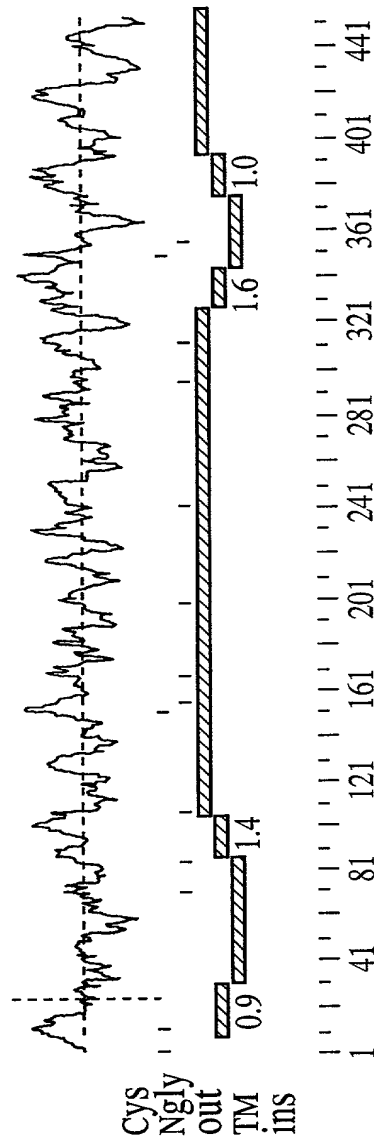


Fig. 5E

```

10      20      30      40      50      60
286 MCTKT-IPVLWGCEL-LWNLVSSSQTIYPGIKARITORALDYGVAQGMKMIQMLKEKLPDLSGSESL
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI MARGPCNAPRWVSLMVLVAIGTAVTAAVNPGVVVRISQKGLDYASQQGTAALQKELKRIKIPDYS--DSF
10      20      30      40      50      60

70      80      90      100     110     120     130
286 EFLKVDYVNYNFSNIKISAFSFPNTSLAFVPGVGIGIKALTNHGTANISTDWGFESPLFVLYNSFAEPM---
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI KIKHLGKHYSFYSDIREFQLPSSQISMVNPVGLKFSISNANIKISGKWAQKRFLKMSGNFDLSIEGM
70      80      90      100     110     120     130

286 -----KPI-----140     150
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI SISADLKLGSNPTSGKPTITCSCSSHINSVHVHISKVKVGLIQLFHKKIESALRNKMNSQVCEKVTNS
140     150     160     170     180     190     200

286 VKA-LNANLSTLEVLTKIDNYTLDDYSLISSPEITENYLDNLKGVFYFPLENLTDPFPSPVFLPERSN
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
:      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
BPI VSSKLQPYFQTLPVMTKIDSVAGINYGVLVAPPATTAETLDVQMKGEFYSENHHNPPFPAPPVMEFFPAHD
210     220     230     240     250     260     270

```

Fig. 5F

**Fig. 5G**

```

10      20      30      40      50      60
286 MCTKTIPVLWGCFLLNLYVSSQTI--YPGIKARITQRALDYGVAQGMKMEQMLKEKKLPDLGSESL
: . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENPGALARAL--PSILLALLTSTPEALGANPGLVARITDKGLQYAAQEGLLALQSELLRITLPDFTG--DL
10      20      30      40      50      60

70      80      90      100     110     120     130
286 EFLKVDYVNFNSNIKISAFSPNTSLAFVPGVGIKALTNHGTANISTDWGFESPLFVLYNSFAEPME--
. . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENPRIPHVGRGRYEFHSLNIHEFQLPSSQISMVNPVGLKFSISNANIKISGKWKAKRFLKMSGNFDLSIEGM
70      80      90      100     110     120     130

286 -----KPI-----LKN-LNEMLCPIIASE
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENPSISADLKLGSNPTSGKPTITCSSSCSHINSVHVHISKSKVGWLIQLFHKKIESALRNKMNSQVCEKVTNS
140     150     160     170     180     190     200

160     170     180     190     200     210     220
286 VKA-LNANLSTLEVLTKIDNYTLDDYSLISSPEITENYLDNLKGVFYPLENLTDPFPSPVFLPERSN
: . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RENPVSSKLQPYFQTLPVMTKIDSVAGINYGVLVAPPATTAETLDVQMKGEFYSENHHNPPFPFAPVMEFFPAAHD
210     220     230     240     250     260     270
```

Fig. 5H



230	240	250	260	270	280	290
286	SMLYIGIAEYFFKSASFAHFTAGVFNLTTLSTEEISNH--FVQNSQGLGNVLSRIAIEIYILSQPFMVRIMA					
REN	PMVYLGSLSDYFFNTAGLVYQEAAGVLKMTLRDDMI PKESKFRLLTTKFFGTFLPEVAKKFP-NMKIQIHVSA					
280	290	300	310	320	330	340
286	TEPPIINLQPGNFTLDIPASIMMLTQPKNSTVETIVSMDFVASTVGLVILGQRLVCSLSLNRFRLALPE					
REN	STPPHLSVQPTGLTFYPADVQALAVLPNSSLASLFLIGMHTTGSMEVSAESNRLVGELKLDRLLELKH					
350	360	370	380	390	400	410
286	SNRSNIEVLRFFENILSSILHFGVLPANAKLQQGFPLPNPHKFLFVNSDIEVLEGFLLISTDLKYETSSK					
REN	SNIGPFPVELLDIMNYIVPILVLRVNEKLQKGFPPLPTPARVQLYNVVLQPHQNFLFGADVVK----					
420	430	440	450	460	470	480
286	QQPSFHVWEGNLNLSRQWRGKSAP					
REN	-----					

82 / 95

GTCCGACCCACGGTCCGGGAATTGCAGCAGGAAATATGTGAAGAGTTTAAACCCACAAATTCTTCTTACTTTAGA	79
ATTAGTTGTTACATTGGCAGGAAAAATAAATGCAGATGTTGGACC ATG TTG GAA ACC TTG TCA AGA CAG	8
W I V S H R M E M W L L I L V A Y M F Q	149
TGG ATT GTC TCA CAC AGA ATG GAA ATG TGG CTT CTG ATT CTG GTG GCG TAT ATG TTC CAG	28
R N V N S V H M P T K A V D P E A F M N	209
AGA AAT GTG AAT TCA GTA CAT ATG CCA ACT AAA GCT GTG GAC CCA GAA GCA TTC ATG AAT	48
I S E I I Q H Q G Y P C E E Y E V A T E	269
ATT AGT GAA ATC ATC CAA CAT CAA GGC TAT CCC TGT GAG GAA TAT GAA GTC GCA ACT GAA	68
D G Y I L S V N R I P R G L V Q P K K T	329
GAT GGG TAT ATC CTT TCT GTT AAC AGG ATT CCT CGA GGC CTA GTG CAA CCT AAG AAG ACA	88
G S R P V V L L Q H G L V G A S N W I	389
GGT TCC AGG CCT GTG GTG TTA CTG CAG CAT GGC CTA GTT GGA GGT GCT AGC AAC TGG ATT	108
S N L P N N S L L G F I L A D A G F D V W	449
TCC AAC CTG CCC AAC AAT AGC CTG GGC TTC ATT CTG GCA GAT GCT GGT TTT GAC GTG TGG	128
M G N S R G N A W S R K H K T L S I D Q	509
ATG GGG AAC AGC AGG GGA AAC GCC TGG TCT CGA AAA CAC AAG ACA CTC TCC ATA GAC CAA	148
	569

Fig. 6A

83 / 95

D	E	F	W	A	F	S	Y	D	E	M	A	R	F	D	L	P	A	V	I	168
GAT	GAG	TTC	TGG	GCT	TTC	AGT	TAT	GAT	GAG	ATG	GCT	AGG	TTT	GAC	CTT	CCT	GCA	GTG	ATA	629
N	F	I	L	Q	K	T	G	Q	E	K	I	Y	Y	V	G	Y	S	Q	G	188
AAC	TTT	ATT	TTG	CAG	AAA	ACG	GGC	CAG	GAA	AAG	ATC	TAT	TAT	GTC	GGC	TAT	TCA	CAG	GGC	689
T	T	M	G	F	I	A	F	S	T	M	P	E	L	A	Q	K	I	K	M	208
ACC	ACC	ATG	GGC	TTT	ATT	GCA	TTT	TCC	ACC	ATG	CCA	GAG	CTG	GCT	CAG	AAA	ATC	AAA	ATG	749
Y	F	A	L	A	P	I	A	T	V	K	H	A	K	S	P	G	T	K	F	228
TAT	TTT	GCT	TTA	GCA	CCC	ATA	GCC	ACT	GTT	AAG	CAT	GCA	AAA	AGC	CCC	GGG	ACC	AAA	TTT	809
L	L	L	P	D	M	M	I	K	G	L	F	G	K	K	E	F	L	Y	Q	248
TTG	TTG	CTG	CCA	GAT	ATG	ATG	ATC	AAG	GGA	TTG	TTT	GGC	AAA	AAA	GAA	TTT	CTG	TAT	CAG	869
T	R	F	L	R	Q	L	V	I	Y	L	C	G	Q	V	I	L	D	Q	I	268
ACC	AGA	TTT	CTC	AGA	CAA	CTT	GTT	ATT	TAC	CTT	TGT	GGC	CAG	GTG	ATT	CTT	GAT	CAG	ATT	929
C	S	N	I	M	L	L	L	G	G	F	N	T	N	N	M	N	M	S	R	288
TGT	AGT	AAT	ATC	ATG	TTA	CTT	CTG	GGT	GGA	TTC	AAC	ACC	AAC	AAT	ATG	AAC	ATG	AGC	CGA	989
A	S	V	Y	A	A	H	T	L	A	G	T	S	V	Q	N	I	L	H	W	308
GCA	AGT	GTA	TAT	GCT	GCC	CAC	ACT	CTT	GCT	GGA	ACA	TCT	GTG	CAA	AAT	ATT	CTA	CAC	TGG	1049
S	Q	A	V	N	S	G	E	L	R	A	F	D	W	G	S	E	T	K	N	328
AGC	CAG	GCA	GTG	AAT	TCT	GGT	GAA	CTC	CGG	GCA	TTT	GAC	TGG	GGG	AGT	GAG	ACC	AAA	AAT	1109

Fig. 6B

84 / 95

```
L   E   K   C   N   Q   P   T   P   V   R   Y   R   V   R   D   M   T   V   P   348
CTG GAA AAA TGC AAT CAG CCA ACT CCT GTA AGG TAC AGA GTC AGA GAT ATG ACG GTC CCT 1169

T   A   M   W   T   G   G   Q   D   W   L   S   N   P   E   D   V   K   M   L   368
ACA GCA ATG TGG ACA GGA GGT CAG GAC TGG CTT TCA AAT CCA GAA GAC GTG AAA ATG CTG 1229

L   S   E   V   T   N   L   I   Y   H   K   N   I   P   E   W   A   H   V   D   388
CTC TCT GAG GTG ACC AAC CTC ATC TAC CAT AAG AAT ATT CCT GAA TGG GCT CAC GTG GAT 1289

F   I   W   G   L   D   A   P   H   R   M   Y   N   E   I   I   H   L   M   Q   408
TTC ATC TGG GGT TTG GAT GCT CCT CAC CGT ATG TAC AAT GAA ATC ATC CAT CTG ATG CAG 1349

Q   E   E   T   N   L   S   Q   G   R   C   E   A   V   L   *   424
CAG GAG GAG ACC AAC CTT TCC CAG GGA CGG TGT GAG GCC GTA TTG TGA 1397

AGCATCTGACACTGACGATCTTAGGACAACCTCCTGAGGGATGGGCTAGGACCCATGAAGGCAGAAATTACGGAGAGCA 1476
GAGACCTAGTATACATTTTTCAGATTCCCTGCACCTGGCAGCTAAATCCGACACTTACATTTTCTGTAA 1555
TTAAAGTACTTATTAGGTAAATAGAGGTTTGTATGCTATTATATATATATCTTAAACACCTATTGTTTCTATAAGCCAT 1634
AGCCAGAAAATATCTAGACATTCTCTATATCATTCAGGTAATCTCTTAAACACCTATTGTTTCTATAAGCCAT 1713
ATTTTGGAGCACTAAAGTAAATGGCAAATTTGGACACAGATATTGAGGCTCTGGAGCTGTGGATTATTGTTGACTTTGA 1792
CAAAATAAGCTAGACATTTTCACCTTGTGCCACAGAGACATAACACTACCTCAGGAAGCTGAGCTGCTTTAAGGACAA 1871
CAACAACAAAATCAGTGTACAGTATGGATGAAATCTATGTTAAGCATTTCTCAGAATAAGGCCAAGTTTATAGTTGCA 1950
TCTCAGGGAAGAAAATTTTATAGGATGTTTATGAGTTCTCCAATAAATGCATTCTGCATTACATAAAAAA 2029
AAAAAGGGCGGCCGC 2044
```

Fig. 6C

[illegible]

**Fig. 6D**

```
280      290      300      310      320      330      340
294 NTNNMMSRASVYAAHTLAGTSVQNILHWSQAVNSGELRAFDWGSETKNLEKCNQPTPVRVVRDMTVPT
    . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
HLP DSKNENTSRILDVYLSHNPAGTSVQNMFWHTQAVKSGKFOAYDWGSPVQNRMHYDQSQPPYYNVVTAMNVPI
    270      280      290      300      310      320      330

350      360      370      380      390      400      410
294 AMWTGGQDWLSNPDVKMLLSEVTNLIYHKNIPEWAHVDFIWGLDAPHRMYNEIIHLMQEEETNLSQGRG
    . . . . . : : : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : . . . .
HLP AVWNGGKDLLADPPQDVGLLLPKLPNLIYHKEIPFYNHLDFIWAMDAPQEVYNDIVSMISEDKK-----
    340      350      360      370      380      390

420
294 EAVL
HLP -----
```

Fig. 6E

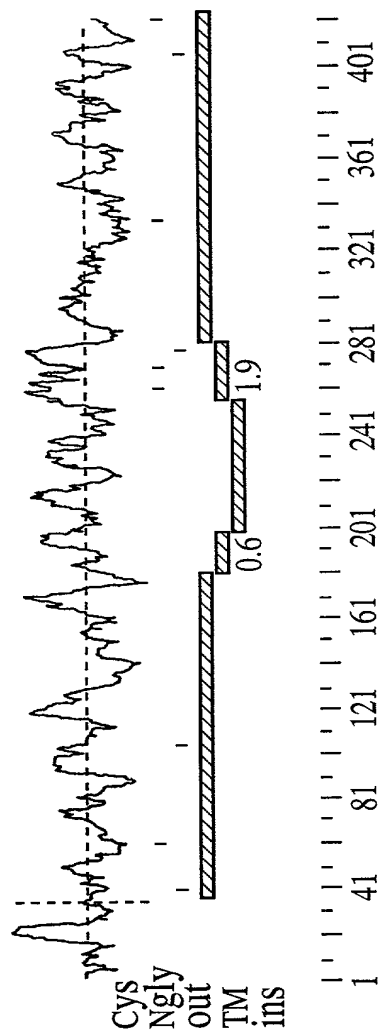


Fig. 6F

```

10      20      30      40      50      60
294 MLETLRQWIVSHRMEMWLLILVAYMFQNVNSVHMPK--AVDPEAFMNISEIIHQHQPCEEYEVATE
:      :...: . . . . : :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL M-----KMRFLGLVVCLVPLHSEGGKLTAVDPETNMNVSEIISYWGFPSSEYLVETE
      10      20      30      40      50

70      80      90      100     110     120     130
294 DGYILSVNRIPRGLVQPKKTGSRPVVLLQHGLVGGASNWISNLPNNSLGFILADAGFDVWMGNSRGNWS
:...: :...: . :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL DGYILCLNRIPHGRKNHSDKGPKPVVFLQHGLLADSSNWVTNLANSSLGFILADAGFDVWMGNSRGNTWS
      60      70      80      90      100     110     120

140     150     160     170     180     190     200
294 RKHKTLSIDQDEFWAFSYDEMARFDLPVAVINFILQKTGQEKIYYVGYSGQTTMGFIAFSTMPELAQIKM
:...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL RKHKTLSVSQDEFWAFSYDEMAKYDLPASINFILNKTGQEQVYYVGHSGQTTIGFIAFSQIPELAKRIKM
      130     140     150     160     170     180     190

210     220     230     240     250     260     270
294 YFALAPIATVKHAKSPGTFKFLLPDMMIKGLFGKKEFLYQTRFLRQLVIYLCGQVILDQICSNIMLLLGG
:...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...: :...:
LAL FFALGPVASVAFCTSPMAKLGRLPDHLLIKDLFGDKEFLPQSAFLKWLGTHVCHVILKELCGNLCFLLCG
      200     210     220     230     240     250     260
```

Fig. 6G



280 FNTNNMMSRASVYAAHTLAGTSVQNIHLHWSQAVNSGELRAFDWGSETKNLEKCNQPTPVRYRVRDMTVP 340  
294 FNERLNMSRVDVYTTHTSPAGTSVQNMHLHWSQAVKFQKFAFDWGSSAKNYFHYNQSYFPPTYNVKDMILVP 330  
LAL FNERLNMSRVDVYTTHTSPAGTSVQNMHLHWSQAVKFQKFAFDWGSSAKNYFHYNQSYFPPTYNVKDMILVP 320  
270 280 290 300 310 320 330  
350 TAMWTGGQDWLSNPEDVKMLLSEVTNLIYHKNIPEWAHVDFIWGLDAPHRMYNEIIHLMQQEETNLSQGR 410  
294 TAMWTGGQDWLSNPEDVKMLLSEVTNLIYHKNIPEWAHVDFIWGLDAPHRMYNEIIHLMQQEETNLSQGR  
LAL TAMWTGGQDWLSNPEDVKMLLSEVTNLIYHKNIPEWAHVDFIWGLDAPHRMYNEIIHLMQQEETNLSQGR  
340 350 360 370 380 390 390  
420  
294 CEAVL  
LAL -----

Fig. 6H

90 / 95

GTCGACCCACGGTCCACGGGAGGGCTCCCGGGCGCAGCATTGCCCCCTGCACCACTCACCAG	ATG	GCT	75
T L G H T F P F Y A G P K P T F P M D T			22
ACT TTG GGA CAC ACA TTC CCC TTC TAT GCT GGC CCC AAG CCA ACC TTC CCG ATG GAC ACC			135
T L A S I I M I F L T A L A T F I V I L			42
ACT TTG GCC AGC ATC ATG ATC TTT CTG ACT GCA CTG GCC ACG TTC ATC ATC GTC ATC CTG			195
P G I R G K T R L F W L L R V V T S L F			62
CCT GGC ATT CGG GGA AAG ACG AGG CTG TTC TGG CTG CTT CGG GTG GTG ACC AGC TTA TTC			255
I G A A I L A V N F S S E W S V G Q V S			82
ATC GGG GCT GCA ATC CTG GCT GTG AAT TTC AGT TCT GAG TGG TCT GTG GGC CAG GTC AGC			315
T N T S Y K A F S S E W I S A D I G L Q			102
ACC AAC ACA TCA TAC AAG GCC TTC AGT TCT GAG TGG ATC AGC GCT GAT ATT GGG CTG CAG			375
V G L G G V N I T L T G T P V Q Q L N E			122
GTC GGG CTG GGT GGA GTC AAC ATC ACA CTC ACA GGG ACC CCC GTG CAG CTG AAT GAG			435
T I N Y N E E F T W R L G E N Y A E C			142
ACC ATC AAT TAC AAC GAG GAG TTC ACC TGG CGC CTG GGT GAG AAC TAT GCT GAG GAG TGT			495
A K A L E K G L P D P V L Y L A E K F T			162
GCA AAG GCT CTG GAG AAG GGG CTG CCA GAC CCT GTG TTG TAC CTA GCT GAG AAG TTC ACT			555

Fig. 7A

91 / 95

P	R	S	P	C	G	L	Y	R	Q	Y	R	L	A	G	H	Y	T	S	A	182	
CCA	AGA	AGC	CCA	TGT	GGC	CTA	TAC	TAC	CAG	CAG	TAC	CGC	CTG	GGG	CAC	TAC	ACC	TCA	GCC	615	
M	L	W	V	A	F	L	C	W	L	L	A	N	V	M	L	S	M	P	V	202	
ATG	CTA	TGG	GTG	GCA	TTC	CTC	TGC	TGG	CTG	CTG	GCC	AAT	GTG	ATG	CTC	TCC	ATG	CCT	GTG	675	
L	V	Y	G	G	Y	M	L	L	A	T	G	I	F	Q	L	L	A	L	L	222	
CTG	GTA	TAT	GGT	GGC	TAC	ATG	CTA	TTG	GCC	ACG	GGC	ATC	TTC	CAG	CTG	TTG	GCT	CTG	CTC	735	
F	F	S	M	A	T	S	L	T	S	P	C	P	L	H	L	G	A	S	V	242	
TTC	TTC	TCC	ATG	GCC	ACA	TCA	CTC	ACC	TCA	CCC	TGT	CCC	CTG	CAC	CTG	GGC	GCT	TCT	GTG	795	
L	H	T	H	H	G	P	A	F	W	I	T	L	T	T	G	L	L	C	V	262	
CTG	CAT	ACT	CAC	CAT	GGG	CCT	GCC	TTC	TGG	ATC	ACA	TTG	ACC	ACA	GGA	CTG	CTG	TGT	GTG	855	
L	L	G	L	A	M	A	V	A	H	R	M	Q	P	H	R	L	K	A	F	282	
CTG	CTG	GGC	CTG	GCT	ATG	GCG	GTG	GCC	CAC	AGG	ATG	CAG	CCT	CAC	AGG	CTG	AAG	GCT	TTC	915	
F	N	Q	S	V	D	E	D	P	M	L	E	W	S	P	E	E	G	G	L	302	
TTC	AAC	CAG	AGT	GTG	GAT	GAA	GAC	GAC	CCC	ATG	CTG	GAG	TGG	AGT	CCT	GAG	GAA	GGT	GGA	CTC	975
L	S	P	R	Y	R	S	M	A	D	S	P	K	S	Q	D	I	P	L	S	322	
CTG	AGC	CCC	CGC	TAC	CGG	TCC	ATG	GCT	GAC	AGT	CCC	AAG	TCC	CAG	GAC	ATT	CCC	CTG	TCA	1035	
E	A	S	S	T	K	A	Y	C	K	E	A	H	P	K	D	P	D	C	A	342	
GAG	GCT	TCC	TCC	ACC	AAG	GCA	TAC	TGT	AAG	GAG	GCA	CAC	CCC	AAA	GAT	CCT	GAT	TGT	GCT	1095	

Fig. 7B

L \*  
 TTA TAA  
 344  
 1101  
 1180  
 1259  
 1338  
 1417  
 1496  
 1575  
 1654  
 1733  
 1812  
 1891  
 1970  
 2049  
 2128  
 2133  
 CATTCTCCCCGTGAGGCCACCTGGACTTCAGTCTGGCTCCAAACCTCATTTGGCGCCCCATAAAACCAGCAGAACTG  
 CCTCAGGTGGCTGTTACAGACACCCAGCACCAATCTACAGACGGAGTAGAAAAAGGAGGCTCTATATACTGATGTT  
 AAAAAACAACAAAAAGCCCTAAGGGACTGAAGAGATGCTGGCCCTGTCCATAAAGCCCTGTTGCCATGATAAG  
 GCCAAGCAGGGCTAGCTTATCTGCACAGCAACCCAGCCTTCCCTGCTGCCCTTCCCTCTCAAGATGCTATTCACTGA  
 AACCTAACTTCAACCCCAATAACACAGCAGGGTGGGGTTACATATGATTCTCCTATGGTTTCCCTCTCATCCCTCGGCA  
 CCTCTTGTTTTCCTTTTCCCTGGGTTCTTGTCTCTCTTACTTCTCCAGCTTGTGTGGCCTTTTGGTACAAATGAA  
 AGACAGCACTGGAAAGGAGGGAACCAAACTTCTCATCCTAGGCTAACATTAACCAACTATGCCACATCTCTCTTGA  
 GCTTCAGTTCCCAAAATTGCTACATAAGATTGCAAGACTTGCAAGACTTGCCAAGATCTTGGGATTTATCTTCTATGCCCTTGCTGA  
 CACCTACCTTGGCCCTCAACACACCTCACAAAGAGCCAGGTGGGAGTTAGGGAATCAACTCCAAAAACGCTATTCCT  
 TCCCACCCACTCAGCTGGGCTAGCTGAGTGGCATCCAGGACGGGGAGTGGTGACCTGCCCTCATCACTGCCACCTAA  
 CGTCCCCCTGGGGTGGTTCAGAAAAGATGCTAGCTGTGGTAGGGTCCCTCCGGCCTCACTAGAGGGCGCCCTATTACTC  
 TGGAGTCGACGCAGAGAAATCAGGTTTTCACAGCACTGCGGAGAGTGTACTAGGCTGTCTCCAGCCAGCGAAGCTCATGA  
 GGACGTGCGACCCCGCGGAGAGCCATGAAAATTAATGGGAAAAACAGTTTTAAAAAAGGGCGG  
 GCGGC

Fig. 7C

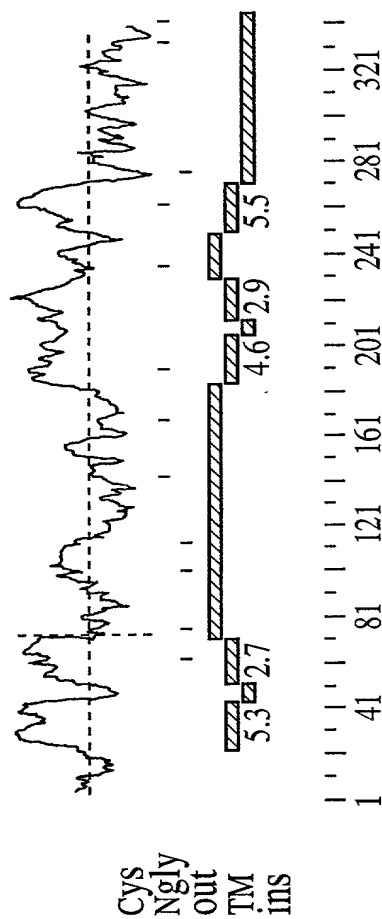


Fig. 7D

```

296 MATLGHTEFFYAGPKPTFFPMDTTLASIIIMIFLTALATFIVILPGIRGKTRFLWLLRVVTSLFIGAAILAV
: .. :... .. :: ..... : .. : : .....
CRP M-RIAH-----ASSRGNI-----SIFSVFLIPLIAYILILPGVR-RKRVVTTVTYVLMMLAVGGALIAS
10 20 30 40 50
80 90 100 110 120 130
296 NFSSEWSVGQVSTNTSYKAFSSEWISADIGLQVGLGGVNITL-----TGTPVQQQLNETIN--YNEEFTW
. . . : : ... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CRP LIYPCWASGSQMIYTQFRGHSNERILAKIGVEIGLQKVNVTLKFERLLSSNDVLPGSDMTELYYNEGFDI
60 70 80 90 100 110 120
296 RLGENYAECAKALEKGLDPVLYLAEKFT-PRSPCGLYRQYRLAGHYTSAMLVWVAFLCWLLANV-MLSM
. : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CRP SGISSMAEALHHGLENGLPYPMLSVLEYFSLNQDSFDWGRHYRVAGHYTHAAIWFAFACWCLSVVLMFL
130 140 150 160 170 180 190
296 PVLVYGGYMLLATGIFQLLALLFFSMATSLTSPCPLHL---GASVLHTHHGPAF----WITLTTGLLCVL
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CRP PHNAYKS--ILATGISCLIACLVYL---LLSPCELRIAFTEGNERFVDLTATFSFCFYLIFAIGILCVL
200 210 220 230 240 250 260

```

**Fig. 7E**

```

270      280      290      300      310      320
296 LGLAMAVAHRMQPHRLKAFNQSVDEDPMLEW-----SPEEGLLSPRY--RSMADSPKSDIPLSEAS
CRP CGLGLGICEHWRIYTLSTFLDASLDLDEHVGPKWKKLPTGGPALQGVQIGAYGTNTTNSRRDKNDISSDKTA
    :::::  . . . : :::::  :  :::  :  :::  :  :::  :  :::  :  :::  :  :::  :
330
296 STKAY-----CK-----EAHPKDPD-----CA---L
CRP GSSGFQSRSTSTCQSSASSASLRSSQSIETVHDEAELERTHVHFLQEPCSSSST
    ..  .  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
    340      350      360      370      380

```

Fig. 7F